

**SELECCIÓN DE PROGENIES SUPERIORES DE *Tectona grandis* L.f. EN EL  
NORTE DEL TOLIMA**

**LUIS FELIPE LLANOS MAYOR**

**Trabajo de grado como requisito parcial para optar al título de Ingeniero Forestal**

**Directora:**

**ANA MILENA LÓPEZ AGUIRRE**

**Magister en Ciencias Mención Recursos Forestales**

**Codirector:**

**ALONSO BARRIOS TRILLERAS**

**Doctor (c) en Ciencias Forestales**

**UNIVERSIDAD DEL TOLIMA  
FACULTAD DE INGENIERIA FORESTAL  
INGENIERÍA FORESTAL  
IBAGUÉ – TOLIMA  
2017**

COMITÉ DE INVESTIGACIONES ACTA DE SUSTENTACIÓN TRABAJO DE GRADO (Acuerdo Consejo de Facultad Ingeniería Forestal 355 de 2013)				
TÍTULO DEL TRABAJO DE GRADO <i>Selección de progenies superiores de Tectona grandis L.f. en el norte del Tolima</i>				
NOMBRE DEL (LOS) ESTUDIANTE(S): <i>Luis Felipe Llanos Mayor</i>				
DIRECTOR <i>Ana Milena Lopez Aguirre / Alonso Barrios Trilleras</i>				
NOMBRE Y NIVEL DE FORMACIÓN JURADO 1 <i>Jhon Jairo Zuluaga Pelaez, PhD.</i>				
CALIFICACIÓN JURADO 1	Informe Escrito (65%)	<i>4.62</i>	Sustentación (35%)	<i>4.21</i>
NOMBRE Y NIVEL DE FORMACIÓN JURADO 2 <i>Victor Manuel Nieto R.</i>				
CALIFICACIÓN JURADO 2	Informe Escrito (65%)	<i>4.36</i>	Sustentación (35%)	<i>4.22</i>
CALIFICACIÓN PONDERADA		Jurado 1	<i>4.48</i>	Jurado 2
			<i>4.31</i>	
CALIFICACIÓN FINAL	<i>4.4</i>	Reprobado		Aprobado
Sobresaliente	<i>X</i>	Meritorio		Laureado
RANGOS DE EQUIVALENCIA: Calificación menor de tres cero (3.0) Calificación entre tres cero (3.0) y tres nueve (3.9) Calificación entre cuatro cero (4.0) y cuatro cuatro (4.4) Calificación entre cuatro cinco (4.5) y cuatro nueve (4.9) Calificación de cinco cero (5.0)				
REPROBADO APROBADO SOBRESALIENTE MERITORIO LAUREADO				
OBSERVACIONES				

FIRMAS	
NOMBRE Y FIRMA JURADO 1 <i>Jhon Jairo Zuluaga Pelaez</i>	NOMBRE Y FIRMA JURADO 2 <i>Victor Nieto R.</i>
COORDINADOR INVESTIGACIONES <i>Annie Kjos</i>	
CUIDAD: <i>Ibagué</i>	FECHA DE SUSTENTACIÓN: <i>Noviembre 30/2017</i>

*“No consideréis a nadie superior a vosotros, al margen del rango de la posición que ocupen en la vida tratad a todos con justicia, porque si no intentaran vengarse de vosotros. Cuidad vuestro dinero. Aferraos con fuerza a vuestras creencias y los demás los escucharán... Sean sinceros, pues es el arma más poderosa para abrir el corazón o ganar el perdón.” ERAGON Página 86*  
- por Christopher Paolini

*"Tarde o temprano la disciplina vencerá a la inteligencia."*  
-Proverbio japonés

**A mi familia, amigos, compañeros y tutores**

## **AGRADECIMIENTOS**

Este trabajo pudo realizarse debido al programa de mejoramiento genético forestal iniciado y establecido dentro del Centro Universitario Regional del Norte de la Universidad del Tolima como una iniciativa de La Corporación Nacional de Investigación y Fomento Forestal, Gobernación del Tolima, Corporación de Cuencas del Tolima y Universidad del Tolima y el apoyo del Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural.

Por el apoyo y asesoramiento de mi directora de tesis la Ingeniera Ana Milena López y mi Co-director el Ingeniero Alonso Barrios Trilleras.

Al constante apoyo y motivación de los diferentes docentes, compañeros y amigos para no desistir durante el trabajo.

A mi familia por su constante apoyo, paciencia y colaboración para poder comenzar y terminar este trabajo.

## CONTENIDO

	Pág.
<b>INTRODUCCIÓN .....</b>	<b>11</b>
<b>1. OBJETIVOS .....</b>	<b>14</b>
1.1. OBJETIVO GENERAL .....	14
1.2. OBJETIVO ESPECÍFICOS .....	14
<b>2. MARCO TEÓRICO.....</b>	<b>15</b>
2.1. GENERALIDADES DE LA ESPECIE .....	15
2.2. MEJORA GENÉTICA DE <i>T. grandis</i> .....	17
2.3. IMPORTANCIA DE LOS PROGRAMAS DE MEJORAMIENTO GENÉTICO FORESTAL.....	18
2.4. FENOTIPO Y TIPOS DE VARIACIÓN .....	19
2.5. SELECCIÓN, ÁRBOLES PLUS Y ÁRBOLES ELITES.....	20
2.6. ACTITUDES COMBINATORIAS, VARIACION ADITIVA Y NO ADITIVA Y VALOR DE CRUZA .....	21
2.7. ENSAYOS DE PROGENIES Y PARÁMETROS DE GENÉTICA CUANTITATIVA .....	23
<b>3. METODOLOGÍA.....</b>	<b>28</b>
3.1. ÁREA DE ESTUDIO .....	28
3.2. OBTENCIÓN DEL MATERIAL VEGETAL .....	29
3.3. PREPARACIÓN DEL TERRENO.....	31
3.4. DISEÑO EXPERIMENTAL.....	32

3.5. DATOS.....	33
3.6. ANÁLISIS DE DATOS.....	35
3.7. CORRELACIONES GENÉTICAS .....	36
3.8. RANKING GENÉTICO .....	37
<b>4. RESULTADOS.....</b>	<b>38</b>
4.1. ESTADÍSTICA DESCRIPTIVA.....	38
4.2. VARIANZA Y HEREDABILIDAD ESTIMADA.....	39
4.3. GANANCIA GENÉTICA .....	40
4.4. CORRELACIONES GENÉTICAS .....	42
4.5. RANKING GENÉTICO .....	43
<b>5. DISCUSIÓN.....</b>	<b>48</b>
<b>6. CONCLUSIONES.....</b>	<b>50</b>
<b>RECOMENDACIONES.....</b>	<b>52</b>
<b>REFERENCIAS .....</b>	<b>53</b>

## LISTA DE TABLAS

Pág.

<b>Tabla 1.</b> Población base de las progenies de polinización abierta de <i>T. grandis</i> evaluadas.....	32
<b>Tabla 2.</b> Calificación de referencia de las variables cualitativas. ....	34
<b>Tabla 3.</b> Media, rango, desviación estándar (STD) y coeficiente de variación (CV%) en variables cuantitativas y cualitativas.....	39
<b>Tabla 4.</b> Varianza, heredabilidad, coeficiente de variación aditiva ( $CV_A\%$ ) y ganancia genética estimada para las variables interés. ....	41
<b>Tabla 5.</b> Coeficiente de correlación genética entre las variables de estudio ( $n = 1070$ ). .....	42
<b>Tabla 6.</b> Ranking genético de progenies de <i>T. grandis</i> . Las progenies comunes en los rankings se resaltan con negrilla. En paréntesis se presentan los valores genéticos familiares en porcentaje respecto a la media global de todas las progenies.....	45

## LISTA DE FIGURAS

	Pág.
<b>Figura 1.</b> Localización geográfica del ensayo de polinización abierta de <i>T. grandis</i> . ...	29
<b>Figura 2.</b> Supervivencia en porcentaje de 40 progenies de polinización abierta de <i>T. grandis</i> a los cuatro años de edad. ....	38
<b>Figura 3.</b> Representatividad por municipio de las mejores procedencias que mostraron mayor ganancia genética a una intensidad de selección familiar de 50% (20 mejores progenies) en las ganancias genéticas de $V_{sc}$ (Volumen sin corteza). ....	43
<b>Figura 4.</b> Representatividad por municipios de las mejores procedencias que mostraron mayor ganancia genética a una intensidad de selección familiar de 50% (20 mejores progenies) con las menores ganancias genéticas de NR (número de renuevos). ....	44
<b>Figura 5.</b> Representatividad por municipios de las mejores procedencias que mostraron mayor ganancia genética a una intensidad de selección familiar de 50% (20 mejores progenies) en las ganancias genéticas de AIR (Angulo de inserción de las ramas). ....	44
<b>Figura 6.</b> Diagrama de barras donde se muestra el número de progenies versus valores de cruza (BV) o valores genéticos del volumen total sin corteza árbol individual $V_{sc}$ ( $m^3$ ). ....	46
<b>Figura 7.</b> Diagrama de barras donde se muestra el número de progenies versus valores de cruza (BV) o valores genéticos del ángulo de inserción de las ramas AIR ( $^{\circ}$ ). ....	46
<b>Figura 8.</b> Diagrama de barras donde se muestra el número de progenies versus valores de cruza (BV) o valores genéticos de número de renuevos NR. ....	47



## RESUMEN

La teca es una especie arbórea comercial de alto interés, debido principalmente a las sobresalientes propiedades físicas y mecánicas de la madera, las tasas de crecimiento y la adaptabilidad a diferentes condiciones del sitio. Se requiere existencias genéticas superiores de teca para programas de reforestación que contribuyan a maximizar la producción en un corto período de tiempo. El objetivo del estudio fue evaluar la variación genética entre 40 progenies de medios-hermanos de 4 procedencias de la Costa Atlántica de Colombia. Los datos proceden de una prueba de progenies establecida en un arreglo de un árbol por parcela. Los rasgos cuantitativos y cualitativos se midieron cuando los árboles tenían 4 años de edad. Los componentes de varianza se determinaron mediante máxima verosimilitud restringida para calcular heredabilidades en sentido estricto, valores genéticos y ganancia genéticas esperadas. Las correlaciones genéticas entre los rasgos se calcularon utilizando análisis de varianza multivariada y un ranking de las progenies fue desarrollando. Las progenies mostraron una supervivencia de 73 a 100%. Los rasgos con mayor heredabilidad fueron dap (0.17), volumen total (0.15), área de proyección de copa (0.12), ángulo de inserción de ramas (0.12) y número de renuevos (0.10). Para estos rasgos, la ganancias genéticas esperadas seleccionando el 30% de las mejores progenies fueron 2.9%, 5.0%, 6.6%, 5.3% y 17.2%, respectivamente. El ranking genético para el volumen total, ángulo de inserción de ramas y número de renuevos permitió identificar que las mejores progenies proceden de los municipios Canalete y San Antero, Córdoba.

**Palabras clave:** Progenie, heredabilidad, ganancia genético, mejoramiento genético.

## ABSTRACT

Teak is a commercial tree species of high interest, mainly due to the outstanding physical and mechanical wood properties, growth rates and adaptability to different site conditions. Superior genetic stocks of teak are required for reforestation programs which contribute to the maximization of the production in a short period of time. The objective of the study was to evaluate the genetic variation between 40 half-sib progenies from 4 provenances of the Atlantic Coast of Colombia. Data came from a progeny test established in a single-tree-plot arrangement. Quantitative and qualitative traits were measured when the trees were 4 year-old. Components of variance were determined using restricted maximum likelihood to calculate narrow-sense heritabilities, breeding values and expected genetic gains. Genetic correlations between traits were computed using multivariate analysis of variance and a ranking of progenies was developed. All progenies showed higher survival ranging 73 to 100%. Traits with higher heritabilities were dbh (0.17), total volume (0.15), Crown projection area (0.12), branch insertion angle (0.12) and number of shoots (0.10). For these traits, expected genetic gain selecting 30% of the best progenies were 2.9%, 5.0%, 6.6%, 5.3% and 17.2%, respectively. The genetic rank for total volume, branch insertion angle and number of shoots allowed to identify that the best progenies proceed from the municipalities of Canalete and San Antero, Córdoba.

**Key words:** Progeny, heritability, genetic gain, genetic Improvement.

## INTRODUCCIÓN

La teca (*Tectona grandis* L.f) pertenece a la familia *Lamiaceae* según Angiosperm Phylogeny Group (APG, 2009), es distinguida por tener una alta demanda y un alto valor en el mercado internacional (Ordóñez, 2013), principalmente por las características de su madera como su solidez, resistencia, trabajabilidad, alta calidad estética, buena duración natural y una amplia variedad de usos industriales (Arévalo & Londoño, 2005; Landrach, 2009; Trujillo, 2009). La especie es originaria de hábitats húmedos hasta secos, pertenecientes al Sudeste de Asia, India, Myanmar (Birmania), Laos, y Tailandia (Sreekanth, Balasundaran, & Nazeem, 2014; Weaver, 2000).

En el año 2010 se estimó un área plantada de 4,346 millones de hectáreas a nivel mundial, en Suramérica se registraron 122.300 ha (Kollert & Cherubini, 2012). Para el 2011, en Colombia existían alrededor de 25.000 ha de superficie plantada con la especie principalmente en la Costa Atlántica (Espitia, Murillo, & Castillo, 2011), siendo una de las principales especies empleadas en programas de reforestación comercial. A pesar de su importancia económica aún existen vacíos acerca del manejo de la especie, la genética y la producción de material vegetal de alta calidad, para el fomento de plantaciones comerciales con esta especie en diferentes regiones del país. Es de resaltar, que un gran porcentaje del éxito del negocio forestal radica en la calidad del material vegetal, que implica una buena genética y producción en vivero.

En Colombia, se han realizado varios estudios dirigidos al mejoramiento genético de la especie y su propagación vegetativa (Levia, 2009) principalmente por empresas privadas en la Costa Atlántica. Espitia, Murillo y Castillo (2011) evaluaron árboles plus seleccionados en plantaciones de teca en Córdoba para determinar ganancias genéticas esperadas. Sin embargo, poco avance ha tenido los programas de mejora genética en el interior del país, donde según la Unidad de Planificación Rural Agropecuaria (UPRA) existe una superficie potencial para la reforestación con la especie de 1.76 millones de ha, principalmente en los valles interandinos (UPRA, 2015). Solo en el departamento del Tolima se cuenta con un área 221.463,16 ha con aptitud alta (UPRA, 2015). Por lo tanto,

para el manejo en plantaciones comerciales, es necesaria la selección y desarrollo de fuentes de semilla o material propagativo con individuos que muestren superioridad genética en calidad del fuste, tasa de crecimiento y calidad de la madera (Pavlotzky & Murillo, 2012; Pereira Villamil, 1994; Vásquez, 2001).

En general, los programas de mejora genética tienen como objetivo seleccionar material genéticamente superior en una población base para producir plantaciones con aumento de características deseables progresivamente (Pastrana, Espitia, & Murillo, 2012). El propósito de evaluar ensayos genéticos es determinar parámetros de la población de mejoramiento, mediante la separación eficiente de los efectos genéticos de los ambientales, así como seleccionar de manera eficiente los mejores genotipos con base en su mérito (Espitia, Murillo & Castillo, 2011). Las primeras etapas de estos programas son la identificación de procedencias, seguida de identificación de árboles plus en plantaciones comerciales, para posteriormente evaluar la capacidad de heredar atributos deseables en pruebas de descendencia o progenies (Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza, 1992; Zobel & Talbert, 1988).

Dentro de los parámetros genéticos la heredabilidad es uno de los más importantes y más usado en genética cuantitativa. El valor de la heredabilidad expresa la proporción de la variación en la población que es atribuible a diferencias genéticas entre individuos (Mora & Zamudio, 2006). Por otro lado, la ganancia genética es el mejor parámetro genético para definir la cantidad de mejoramiento obtenido para la especie dentro de un programa de mejora genética (Zobel & Talbert, 1988). Estudios realizados por Rodríguez, Urueña y Borralho (2011) reportan mejoras genéticas modestas de un 6% en volumen comercial y aproximadamente un 22% en calidad del fuste para teca en el departamento del Tolima. Similarmente, estudios realizados en la Costa Norte de Colombia determinaron ganancias genéticas esperadas a partir de la selección de árboles plus de 2.35% en diámetro y 12.5% en volumen (Espitia, Murillo & Castillo, 2011). Otros estudios realizados en Malasia por Goh *et al.* (2013) reportan ganancias genéticas de 15.7% en volumen para genotipos clonalmente propagados de teca.

La Corporación Nacional de Investigación y Fomento Forestal (CONIF) en alianza con la Gobernación del Tolima, Corporación de Cuencas del Tolima (CORCUENCAS) y la Universidad del Tolima en busca aumentar y mejorar la disponibilidad de material propagativo de las especies teca y melina, para el establecimiento de plantaciones en el Tolima y el interior del país, dieron inicio al programa de mejoramiento genético para estas dos especies. Este trabajo se basó en dos estrategias, una de corto plazo que consistió en el establecimiento y manejo de áreas productores de semillas y la segunda estrategia incluye la identificación y selección de 40 árboles plus, con los que se produce el material vegetal para el establecimiento de huertos semilleros clónales a través del método de injertación de yema lateral y pruebas de progenie (Rodríguez et al., 2011).

En este contexto y dando continuidad a esta estrategia de mejoramiento genético, en la presente investigación se evaluaron las 40 progenies de polinización abierta de teca a los 4 años de edad, procedentes de 4 municipios de la Costa Atlántica colombiana, plantadas en Armero, Tolima. De esta manera se espera obtener mejor material genético en cuanto a su tasa de crecimiento, calidad y adaptación a las condiciones ambientales del alto magdalena.

## **1. OBJETIVOS**

### **1.1. OBJETIVO GENERAL**

Determinar diferencias genéticas entre progenies de polinización abierta de teca a los 4 años de edad, procedentes de 4 municipios de la Costa Atlántica colombiana para obtener mejor material genético en cuanto a su tasa de crecimiento, calidad y adaptación a las condiciones ambientales del alto magdalena.

### **1.2. OBJETIVO ESPECÍFICOS**

- Determinar parámetros genéticos: heredabilidad y ganancia genética de las variables estudiadas en las progenies evaluadas.
- Establecer correlaciones genéticas entre las variables de mayor interés económico.
- Generar un ranking genético de las progenies de *T. grandis* de acuerdo a parámetros de crecimiento y calidad.

## 2. MARCO TEÓRICO

### 2.1. GENERALIDADES DE LA ESPECIE

La teca (*Tectona grandis* L.f) pertenece a la familia *Lamiaceae* según Angiosperm Phylogeny Group (APG, 2009), originaria del Sudeste de Asia, India, Myanmar (Birmania), Laos, y Tailandia (Sreekanth et al., 2014; Weaver, 2000). La teca fue introducida hace siglos a Java y algunas de las islas menores del archipiélago de Filipinas llegando a naturalizarse hoy en día en dichos lugares. Hacia 1842 ya habían sido establecidas las primeras plantaciones a nivel mundial en India en Nilambur, en el estado de Kerala. La especie fue introducida por primera vez en continente Americano en Trinidad y Tobago alrededor de 1880 a través de los *Jardines Botánicos reales en Trinidad*, pero solo hasta 1913 se establecieron las primeras plantaciones, de ahí, fue distribuida a otros países de la región. Las semillas distribuidas a través de las regiones del Caribe en 1979 llegaban de 19 procedencias, Myanmar (anteriormente Burma), Tailandia, la india y las naciones africanas de Nigeria, Camerún, Costa de Marfil y Gambia. Las introducciones más importantes fueron aquellas realizadas en Trinidad 1913 y 1916 con semillas de Tenasserin en Myanmar debido a que estas semillas generalmente tenían una mejor forma y crecimiento que las procedentes de India para plantar en muchos lugares de África, Centroamérica e Indonesia. En Trinidad y Tobago se instalaron rodales semilleros que debido a la floración temprana producían bifurcaciones a bajas alturas siendo una característica de dicha procedencia, por lo que fueron depurados seleccionando los mejores individuos que luego se distribuyeron en México, América Central, el Caribe, Venezuela y Colombia. Por otro lado con ayuda del *Summit Gardens* en Panamá durante 1926 con semillas traídas de Sri Lanka se establecieron plantaciones que una vez mostraron una buena naturalización y buen rendimiento en la zona, las semillas de esta procedencia fueron enviadas a Honolulu, Ecuador, Brasil, Florida y Liberia, Costa Rica, Perú, México, El Salvador y Nicaragua (Chaves & Fonseca, 1991; Kerala Forest Research Institute [KFRI] & International Tropical Timber Organization [ITTO], 2008; Landrach, 2009; Weaver, 2000).

En Colombia hacia los años 50 la especie entró a Puerto Boyacá, en el Magdalena medio, a través de Texas Petróleo Company, que se encargó de importar la semilla y establecer viveros en sus instalaciones, posteriormente también se encargó de regalar material vegetal obtenido de dichos viveros a todas las fincas de la región (Ordóñez, 2013). Para el 2011, en Colombia existían alrededor de 25.000 ha de superficie plantada con la especie principalmente en la Costa Atlántica (Espitia et al., 2011), siendo una de las principales especies empleadas en programas de reforestación comercial.

La madera de teca de rotaciones largas proveniente de zonas donde se distribuye naturalmente, se utiliza en las construcciones navales, yates o buques (cubierta, estructura, quillas), puentes muebles para exteriores y carpintería fina, enchapados, contrachapados, madera para parques, muebles para laboratorios y duelas para fabricación de barriles para guardar productos químicos o bien toneles para vino, revestimiento de interiores con bellos acabados, gabinetes, pisos, puertas, artesanías, esculturas y tornería (Landrach, 2009; Ordóñez, 2013; Weaver, 2000).

La madera de rotaciones cortas y entresacas se utiliza para postes y muebles, construcciones y casas. También troncos de dimensiones pequeñas se usan en producción de chapas con cortadoras de chapas longitudinales para puertas, elaboración de triplex y tableros aglomerados de partículas ya sea con residuos o sobrantes ya sea con la especie o en combinación con *Gmelina arborea* (Chaves & Fonseca, 1991; Ordóñez, 2013).

La teca presenta una densidad básica moderada que va desde 0.58-0.99 gr/cm<sup>3</sup> desde el estado de la madera anhidrido a su estado verde y una buena resistencia estructural. Dichas características se ven disminuidas con rotaciones cortas de rápido crecimiento de 20 a 25 años usadas en los trópicos (Arévalo & Londoño, 2005; Ordóñez, 2013).

Las densidades de siembra dependen del tipo de producto yendo desde densidades altas con distancia de siembra de 1.5 x 1.5, 2 x 2 y 2 x 2.5 m establecidas en sitios planos con



finalidad de obtener leña y carbón y densidades bajas de 3x3 m que se manejan para producir madera para aserríos (Chaves & Fonseca, 1991; Ordóñez, 2013).

## **2.2. MEJORA GENÉTICA DE *T. grandis***

La teca es una de las maderas más valiosas del mundo, razón por la que has sido objeto de múltiples estudios y programas de mejoramiento genético principalmente en Asia (Chaves & Fonseca, 1991). Hacia la década de 1960 en India y Tailandia se comenzó con la investigación y fomento de los programas de mejoramiento genético de la teca, desde la selección de mejores procedencias, la selección de árboles *plus*, determinación de áreas productores de semillas (APS), huertos semilleros clónales y determinación de la variación y diferenciación de tipos o razas de la especie dada por diferentes ambientes en india donde tiene su mayor distribución natural con un gran rango de tipos de ecosistemas y diferentes ambientes tanto por humedad, precipitación, suelo, pendiente, etc. En estos programas iniciales se tiene expectativas de ganancias de 5 a 15 % por lo menos en volumen por la selección de mejores familias o individuos (Indira & Muralidharan, 2005; Kaosa-ard, Khāosa'āt, Suangtho, & Kjær, 1998). Otros estudios realizados en Malasia por Goh et al. (2013) reportan ganancias genéticas de 15.7% en volumen para genotipos clonalmente propagados de teca.

En india se han tenido en cuenta hasta 20 caracteres fenotípicos de interés tales como la altura, la circunferencia, el largo del tronco libre de ramificaciones, la forma del tallo (contrafuertes, torceduras y ahusamiento), ramificaciones epicórmicas, susceptibilidad a las plagas y enfermedades y la producción de semillas (Kotwal, 1983 citado por Weaver, 2000). Otros estudios han mostrado control genético moderado en variables como densidad básica u otras propiedades de la madera como porcentajes de duramen y albura, y módulo de elasticidad con heredabilidades en sentido amplio para clones y valores familiares de 0.3-0.7 que al ser más altos indica buenas ganancias al hacer una selección familiar o clonal de los mejores progenitores (Marín Montoya, 2009; Narayanan, Chawhaan, & Mandal, 2009).

En Colombia, se han realizado varios estudios dirigidos al mejoramiento genético de la especie y su propagación vegetativa, principalmente por empresas privadas en la Costa Atlántica (Levia, 2009). Espitia, Murillo y Castillo (2011) evaluaron árboles *plus* seleccionados en plantaciones de teca en Córdoba para determinar ganancias genéticas esperadas. Los autores determinaron ganancias genéticas esperadas de 2.35% en diámetro y 12.5% en volumen. Estudios realizados por Rodríguez, Urueña, & Borralho (2011) reportan mejoras genéticas modestas de un 6% en volumen comercial y aproximadamente un 22% en calidad del fuste para teca en el departamento del Tolima. A los seis meses las mediciones mostraron efectos familiares significativos para el crecimiento de altura y heredabilidades para teca de 0.14 que muestran un efecto genético bajo. En estas edades tempranas se puede esperar estos valores de heredabilidad por la baja correlación juvenil-maduro, por lo que es recomendado hacer evaluaciones de estos parámetros a una edad mayor o por lo general a mitad del primer turno de rotación (Zobel & Talbert, 1988).

### **2.3. IMPORTANCIA DE LOS PROGRAMAS DE MEJORAMIENTO GENÉTICO FORESTAL**

Los árboles en su gran mayoría poseen una mayor variabilidad genética en comparación con otros organismos, llegando a hacer el doble que otras plantas. Esta variabilidad llega a ser intraespecífica, es decir se da dentro de la misma especie lo cual permite el desarrollo de diferentes biotipos o razas. Entre las razones de esta alta variabilidad encontramos una alta heterocigotosidad, longevidad y mecanismos naturales para mantener la variación genética que desarrollaron evolutivamente como exogamia y dispersión de polen en zonas extensas, entre otros (Organización de la Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura [FAO], 2014).

Los programas de mejoramiento genético (PMGF) son estratégicos para desarrollar materiales genéticos propios, adaptados a las condiciones edafoclimáticas particulares de cada región, con alto potencial de obtener características económicamente deseables como son: una buena rectitud fustal, altura total, volumen comercial tanto a nivel

individual y como de rodal, diámetro, ángulos de inserción de rama, dominancia, espesor de corteza y propiedades de la madera (Zobel & Talbert, 1988). El éxito de un PMGF depende de la capacidad que tenga el árbol para transmitir sus características a la progenie, es decir a su descendencia (Daniel, Helms, & Backer, 1982; Poehlman, 1976).

Los objetivos primarios de un programa de mejoramiento genético forestal comúnmente han sido mejorar las tasas de crecimiento y la calidad del árbol, principalmente para obtener mayores volúmenes con mejor calidad fustal (Indira & Muralidharan, 2005). En programas de mejoramiento genético más avanzados o ensayos con edades mayores a la mitad de edad de la rotación los objetivos de mejora incluyen también propiedades de la madera como densidad básica de la madera, porción de duramen y albura, porcentaje de corteza y módulo de la elasticidad (Marín, 2009; Narayanan, Chawhaan, & Mandal, 2009).

#### **2.4. FENOTIPO Y TIPOS DE VARIACIÓN**

Todo lo que se ve y se juzga de un individuo directamente en el bosque o en la plantación es el fenotipo del árbol, el cual es el resultado de la interacción entre componentes genéticos (G) y ambientales (A) que conforman el fenotipo (F) observado  $F = G + A$ . Al extenderse ese modelo a la variación existente en una población encontramos que la variación fenotípica es la suma de la variación genotípica más la variación ambiental. A su vez la variación genética es afectada por efectos aditivos y no aditivos. Las fuerzas ambientales son la causa más importante de variabilidad en algunas características, especialmente las relacionadas con el crecimiento, ya que los árboles son especies longevas que se ven afectadas por su entorno y medio durante toda su vida (Becerra & Silva, 2012; Falconer, 1989; Ipinza, 1998; Rodríguez & Nieto, 2004; Zobel & Talbert, 1988).

De esta manera la variación fenotípica total se puede describir por el siguiente modelo  $\sigma^2_P = \sigma^2_A + \sigma^2_{NA} + \sigma^2_E$ , donde  $\sigma^2_P$ ,  $\sigma^2_A$ ,  $\sigma^2_{NA}$ ,  $\sigma^2_E$  son las varianzas fenotípica, aditiva, no aditiva y ambiental, respectivamente (Ipinza, 1998; Zobel & Talbert, 1988). La variación

dada por el ambiente se puede disminuir cuando los lugares o sitios donde se establecen las plantaciones son homogéneos.

## **2.5. SELECCIÓN, ÁRBOLES PLUS Y ÁRBOLES ELITES**

Una selección es el proceso de elegir individuos con características deseables. En el campo forestal se busca que dichas características sean principalmente de interés e importancia económica sirviendo de progenitores a las siguientes generaciones, es decir al seleccionarse dichos individuos se destinan a PMGF. Esto se hace comparando un fenotipo de interés con el de otros individuos dentro de un rodal, buscando cambiar la frecuencia de los alelos deseados que afecten características importantes de los árboles, de tal manera que los individuos mejorados tengan un rendimiento superior a otro material sin ningún criterio ni trabajo de selección (Ipinza, 1998).

Dicha selección se ve respaldada en la ley de Hardy-Weinberg, que dice que si no intervienen factores evolutivos, al obtener semillas de un rodal se espera que la próxima generación tenga el mismo promedio y la misma varianza poblacional original. De esta manera, debido a que gran parte de las diferencias existentes entre árboles tiene origen genético y representa una fuente de variación importante, aprovechada por el mejorador forestal, se espera que la población descendiente muestre esas buenas características o rendimientos en gran medida por su genética. Así en los procesos de selección se debe dar prioridad a los rodales con buenas características para que dicho material de alto valor y rendimiento pueda integrarse continuamente y pertinentemente al proceso productivo del país ( Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza [CATIE], 1992; Ipinza, 1998).

De esta manera la selección de árboles *plus* es un proceso en el cual una vez identificada la especie a mejorar y las mejores procedencias, se prosigue a escoger los árboles con características superiores dentro de una población base. Las principales características evaluadas y de mayor relevancia es el volumen comercial sea individual o a nivel de rodal

y la calidad fustal. Siendo el objetivo inmediato de estos árboles *plus* suministrar material para pruebas genéticas como progenies, procedencias y pruebas clónales.

Los árboles *plus* que una vez sean sometidos a pruebas genéticas y al ser evaluados muestren verdadero mérito genético pasan a ser considerados árboles *elites*. Esto se hace porque la selección está basada en el principio de que el valor genético promedio de los individuos seleccionados, será mejor que el valor promedio de los individuos de la población base como un todo. Como la selección de árboles *plus* se hace en comparación con los mejores individuos puede haber un sesgo lo que lleva a la necesidad de obtener un respaldo a través de pruebas genéticas o progenie ( Corporación Autónoma Regional del Centro de Antioquia [CORANTIOQUIA], 1991).

## **2.6. ACTITUDES COMBINATORIAS, VARIACION ADITIVA Y NO ADITIVA Y VALOR DE CRUZA**

Los valores genéticos de los progenitores derivan de las *aptitudes combinatorias* o habilidades combinatorias, la general (ACG) y específica (ACE) y son de especial interés en el campo de mejoramiento genético forestal ya que reflejan los diferentes tipos de interacciones entre loci siendo estos varios locus o posiciones fijas en un cromosoma, como la posición de un gen o de un marcador genético. La ACE y la ACG describen los efectos no aditivos y los efectos aditivos, respectivamente, que a su vez conforman las fuentes de variación en la parte genética de un fenotipo. La varianza genética aditiva ( $\sigma^2_A$ ) surge de las diferencias entre los progenitores en lo que respecta a su actitud combinatoria general y es simplemente la varianza de los valores de cruce o valor genético de la población, donde un valor de cruce es  $2ACG$ , es dos veces la diferencia entre el promedio de la progenie y el promedio de la población. La ACG es la mejor actitud combinatoria al evaluar poblaciones que abarquen una gran cantidad de progenitores de tipo de polinización abierta ya que representa el rendimiento promedio de la progenie de un progenitor cuando este se cruza con muchos otros progenitores, es decir, “refleja aquella porción de su genotipo para una característica específica que el progenitor puede transmitir a su progenie sin importar que otro progenitor participe en la

cruza” (p.148). “Debido a que esta porción puede predecirse a veces se considera la porción confiable de la constitución genética de un árbol” (p.149) (Zobel & Talbert, 1988).

Por otro lado de acuerdo a la ACG se pueden escoger las mejores familias por lo cual se hablaría de una selección familiar, esto explicado en que aunque las aptitudes combinatorias generales puede expresarse en valores absolutos, es muy práctico poderlo expresar como desviaciones de la media total (Ipinza, Gutiérrez, & Emhart, 1998; Zobel & Talbert, 1988). “

Así, si tiene un valor de 0 tiene una aptitud combinatoria general media, si es positiva indica que el progenitor produce progenies que se comportan por arriba del valor promedio y si es un valor negativo significa que el progenitor se comporta por debajo del promedio de la población (Zobel & Talbert, 1998, p.147).

“La varianza no aditiva ( $\sigma^2_{NA}$ ) por otra parte es el resultado de los efectos de la ACE” (Zobel & Talbert, 1998, p.150). La ACE presentada en cualquier cruza, refleja la acción genética de dominancia que es la interacción de dos alelos de los loci genéticos que afectan una característica de interés, por otro lado, también refleja la acción genética epistática que consiste en las interacciones entre los alelos de los diferentes loci genéticos que afectan la característica de interés estudiada. La ACE se da en una gran porción dominante de la interacción génica y como la ACE ocurre debido a la interacción de alelos específicos o entre loci genéticos su valor no se puede predecir a partir de los fenotipos de los progenitores sin antes haber realizado la cruza. Además, esta ACE no puede utilizarse en un PMGF que abarque muchos progenitores porque la polinización abierta da como resultado muchas combinaciones distintas de alelos a través de los loci genéticos. Esta actitud combinatoria se puede usar en PMGF con propagación vegetativa cuando se pretenda usar los candidatos para obtener cantidades comerciales de progagulos idénticos genéticamente al árbol del cual se obtiene. La segunda forma de utilizar la ACE es cuando

se necesita obtener grandes cantidades de semillas a partir de combinaciones parentales específicas, lo cual se logra con polinizaciones controladas o por métodos como polinización de huertos semilleros de dos clones, aunque los costos y dificultades para paquetes tecnológicos específicos y mayor tiempo hace la ACE la menos utilizada (Zobel & Talbert, 1988, p. 149).

## **2.7. ENSAYOS DE PROGENIES Y PARÁMETROS DE GENÉTICA CUANTITATIVA**

La mayor parte de la teoría genética cuantitativa supone una distribución normal en las estimaciones de una población, ya que muchas características de los árboles se encuentran dentro de una distribución normal como en el caso de la altura u otros factores de crecimiento. Cuando son reunidos los datos de las mediciones de dichas características de especial interés, a través de métodos estadísticos se pueden tomar decisiones acerca de las poblaciones de árboles, determinando como responderán estas a la selección. Siendo de esta manera la genética cuantitativa esencial para un adecuado programa de selección y mejoramiento (Zobel & Talbert, 1988).

A partir de los conceptos de genética cuantitativa podemos describir un conjunto de individuos o población a través de parámetros de genética cuantitativa tales como heredabilidad, diferencial de selección y ganancias genéticas que se derivan de los primeros dos parámetros. Una vez hallados los otros parámetros también se puede hallar correlaciones genéticas que permiten hacer selecciones indirectas, como también la determinación de las diferentes variaciones dadas en un fenotipo, desviaciones estándar y medias.

Los parámetros genéticos cuantitativos de una población base y de los individuos parentales usados para su establecimiento, se pueden calcular a través del comportamiento y evaluación de las progenies de cada individuo parental. Para lograrlo, se establecen ensayos de descendencia llamados también ensayos de familias o de

progenies. Estos ensayos son los más adecuados para determinar la cantidad y distribución de la variación genética en una población. Estas pruebas se establecen a partir de semillas de procedencias distintas, constituyendo rodales de medios hermanos que permiten obtener valiosa información respecto al nivel de control genético (heredabilidad) de las características estudiadas y la cantidad de interacción del genotipo con el ambiente cuando se establecen replicas en distintos sitios (Ipinza, Gutiérrez, & Emhart, 1998).

Las pruebas de progenies permiten la estimación de los componentes de varianza y heredabilidad para las características de interés forestal, la formación de una población base para las siguientes generaciones al seleccionar los mejores individuos dando paso a estancias más avanzadas dentro del ciclo de mejoramiento como el establecimiento de huertos semilleros clonales de segunda generación o la generación de clones superiores para uso operacional a través de producción clonal y la estimación de la ganancia genética (CATIE, 1992; CONIF, 2004; Ipinza, Gutiérrez, & Emhart, 1998; Zobel & Talbert, 1988).

Por otro lado muchas veces las pruebas de progenies dan el respaldo genético a un huerto semillero clonal (HSC). Los ensayos de progenies una vez evaluados son sometidos a un raleo aproximadamente del 50% de las progenies dentro del HSC. Dicho raleo genético, busca remover progenies inferiores del huerto, también aquellos clones susceptibles a enfermedades o deformaciones. La densidad final de un huerto semillero debe ser aproximadamente 40-50 árboles por hectárea (CONIF, 2004; Ipinza, Gutiérrez, & Emhart, 1998).

Dentro de los parámetros genéticos la heredabilidad es uno de los más importantes y más usado en genética cuantitativa. El valor de la heredabilidad expresa la proporción de la variación en la población que es atribuible a diferencias genéticas entre individuos (Mora & Zamudio, 2006). Para calcular la heredabilidad la varianza genética aditiva y no aditiva son importantes ya que permiten determinar dicho parámetro que matemáticamente es la relación entre variación genética y variación fenotípica. Hay dos



clases de heredabilidad, la heredabilidad en sentido amplio, la cual incluye toda la variación genética es decir la aditiva y la no aditiva y la heredabilidad en sentido estricto que considera solo la variación aditiva. Esta última es más usada en los programas de mejoramiento que utilizan un gran número de árboles progenitores con polinización abierta. La heredabilidad toma valores entre 0 y 1.0, cuando está cerca de 1.0 quiere decir que existe alta heredabilidad y al acercarse a 0.0 la heredabilidad es muy baja (Becerra & Silva, 2012; Ipinza, 1998; Zobel & Talbert, 1988).

Normalmente, al momento de realizar la selección de árboles plus, la población base ya está definida y la única forma de aumentar la heredabilidad es disminuyendo la varianza no genotípica entre los árboles que se están comparando, es decir la varianza ambiental, lo que le da importancia a la homogeneidad del terreno (Ipinza et al., 1998). Algunas características de los árboles, como la forma del fuste, hábito de ramificación, dirección de la fibra, densidad básica, son de alta heredabilidad. En la selección se debe dar prioridad a los rodales de características con buena heredabilidad, las cuales dependen del producto final que se pretende obtener de la futura plantación, y varía de especie a especie (Corporación Autónoma Regional del Centro de Antioquia, 1991; Zobel & Talbert, 1988).

Además de la heredabilidad de árboles individuales encontramos la heredabilidad de las medias familiares, la cual toma relevancia cuando la selección puede practicarse tanto en familias como en individuos en los programas de mejoramiento de generaciones avanzadas. Las heredabilidades a nivel de familia suelen ser más grandes que las heredabilidades de árboles individuales debido a que se basan en promedios estimados con una muestra de muchas progenies y los efectos ambientales dentro de la prueba son promediados fuera de la media familiar (Zobel & Talbert, 1988).

La ganancia genética es el mejor parámetro genético cuantitativo para definir la cantidad de mejoramiento obtenido para la especie. Conocer la variación genética es un proceso complejo, pero si se conocen su magnitud y tipo, ésta puede ser usada para obtener importantes ganancias con base a la selección de individuos genéticamente superiores.

Al realizarse la selección de árboles *plus* en función de su fenotipo tanto de sus características métricas o cualitativas, las ganancias obtenidas se miden como un cambio en la media de la población, es decir de su diferencial de selección en función de la heredabilidad dependiendo en gran medida de esta (Ipinza, Gutiérrez, & Emhart, 1998; Zobel & Talbert, 1988).

En el diferencial de selección ( $S$ ), la variación total o fenotípica tiene relevancia ya que el  $S$  es valor fenotípico promedio de los individuos seleccionados, expresados como una desviación de la media de la población, la cual puede ser grande al existir gran variación fenotípica de una característica de interés o pequeño si la variación total es mínima. El  $S$  se expresa matemáticamente como la diferencia entre la media de los individuos seleccionados ( $\bar{X}_S$ ), y la media de la población ( $\bar{X}$ ), es decir,  $S = \bar{X}_S - \bar{X}$ . Cuando los individuos se seleccionan únicamente con base en sus valores fenotípicos, sin información de su parentela, las respuesta a la selección se estima mediante la siguiente formula  $G = h^2 S$ , que es la ganancia obtenida, donde  $h^2$  es heredabilidad y  $S$  es el diferencial de selección. La  $S$  depende de dos factores, uno es la proporción de individuos de la población que son seleccionados, es decir, la intensidad de selección ( $i$ ) y el otro factor es la desviación fenotípica de la característica en estudio (Zobel & Talbert, 1988).

La  $i$  se expresa como un coeficiente el cual se encuentra gracias a que el porcentaje de selección se ajusta a las propiedades de la distribución normal, y representa la parte de la población que está por encima de un punto de truncamiento o corte de especial interés. Sirviendo además para saber cuántas desviaciones estándar la media de los individuos seleccionados excede a la media de la población base. La  $i$  se expresaría matemáticamente como  $i = S/\sigma_p$  derivada de  $S = i\sigma_p$ . De esta manera la ganancia genética se puede expresar también como  $G = ih^2\sigma_p$  donde  $i$  es la intensidad selección y  $\sigma_p$  desviación fenotípica (Ipinza, 1998; Zobel & Talbert, 1988).

La correlación genética es un parámetro también de alto interés en los programas de mejoramiento ya que indica el grado con que una característica cambia como resultado

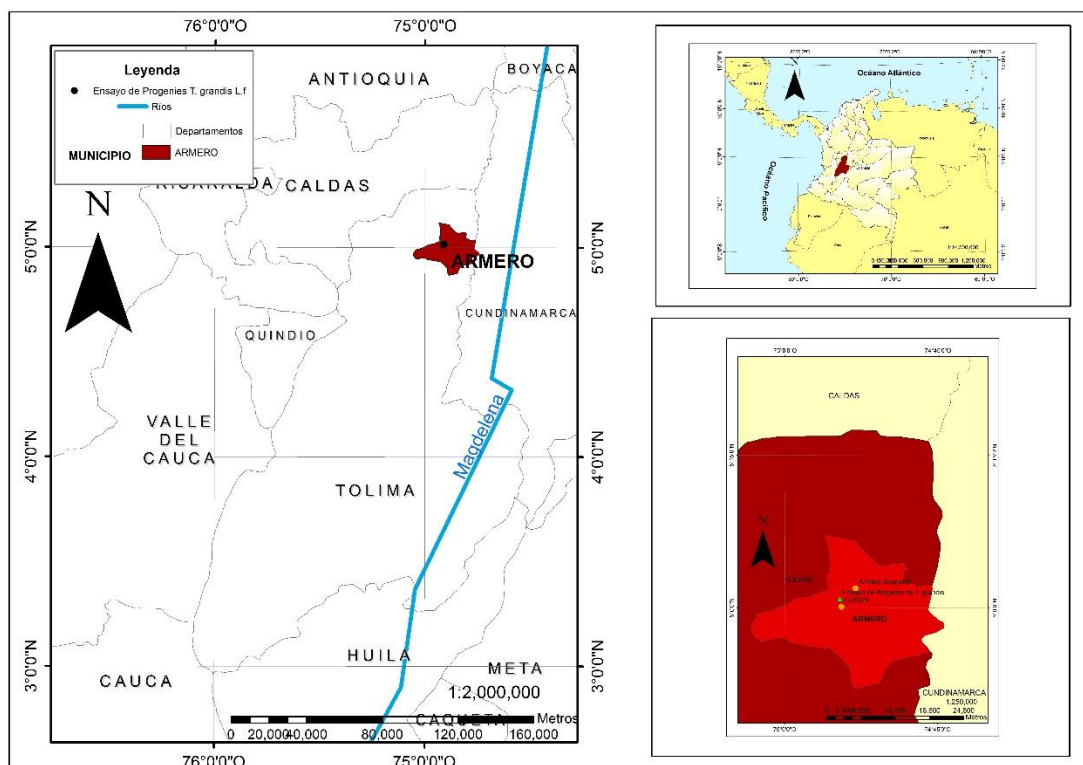
del cambio de otra. Este fenómeno ocurre principalmente debido a la pleiotropía que es el efecto que produce un gen cuando afecta múltiples características. Estas correlaciones se calculan a través de un análisis de covarianza, lo cual implica calcular productos medios de la cruce y dichos productos se utilizan para determinar los componentes de covarianza. En caso de que los datos estén completamente balanceados, es decir que no haya individuos muertos y se hayan determinado los componentes de variación por análisis de varianza, los coeficientes de dichas variaciones son iguales a los productos medios. Al igual que la heredabilidad, la correlación genética entre dos características depende de varios factores, por lo que no se le pueden dar valores fijos, debido a que como pasa con otros parámetros son estimaciones que solo aplican a dicha población (Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza, 1992; Zobel & Talbert, 1988).

### **3. METODOLOGÍA**

#### **3.1. ÁREA DE ESTUDIO**

El ensayo de progenies está ubicado en el municipio de Armero-Guayabal al norte del departamento del Tolima en la latitud Norte 5°00'52.10" y Longitud Oeste 74°54'36", dentro del Centro Universitario Regional del Norte (CURDN) de la Universidad del Tolima. El área de estudio es cálido seco y pertenece a la zona de vida de bosque seco Tropical (bs-T), caracterizado por una temperatura media anual mayor a los 24°C y precipitación media anual de 1700 mm y en general la clase de textura del suelo franco arenosa. La distribución de lluvias es deficiente durante los dos semestres transcurridos al año siendo las escasas lluvias una de las limitaciones del uso de este suelo, el drenaje interno y externo es lento nivel freático fluctuante. Por otro lado en el primer horizonte es fuertemente ácido de pH es 5.4 y el último llega a ser extremadamente ácido hasta de 4.2. La geomorfología del paisaje es de piedemonte con un tipo de relieve abanico-terrazza con pendiente baja de 0-3%. En general muestra poca profundidad en sus horizontes, siendo su profundidad efectiva superficial, en el horizonte A 20 cm presentando un color de suelo demasiado claro por poca presencia de carbón orgánico o por ser demasiado delgado, en el horizonte B de 20 a 64 cm presenta un color más rojo o más intenso que el horizonte subyacente y del Horizonte C de 64 a 120 cm el cual en su parte inferior presenta abundante gravilla, casco y piedra. Los horizontes A y B muestran tipos de bloques angulares con pocos poros y sin actividad de macro organismos. El uso actual del suelo es de pastos para ganadería semi-intensiva la zona presenta vegetación natural de individuos arbóreos como guácimo, caucho, payandé y dinde (Instituto Geográfico Agustín Codazzi [IGAC], 2004).

**Figura 1.** Localización geográfica del ensayo de polinización abierta de *T. grandis*.



Fuente: Autor

### 3.2. OBTENCIÓN DEL MATERIAL VEGETAL

El ensayo de progenies fue sembrado con material vegetal producido a partir de la recolección de semilla en árboles *plus*. Para la selección de los árboles *plus* se tuvo en cuenta los siguientes criterios: encontrarse en rodales coetáneos de densidad uniforme, ser dominante, tener un diámetro superior al promedio del rodal, fuste recto y cilíndrico, copa de diámetro pequeña y balanceada, poseer ramas cortas de poco diámetro, ser sanos, vigorosos, sin presencia de plagas y enfermedades y por último no ser de borde en el rodal. Se utilizó el método de comparación donde se comparan árboles candidatos con árboles vecinos. Fueron comparados los 5 mejores árboles en parcelas de radio de 20 metros (1256.6 m<sup>2</sup>) (Rodríguez et al., 2011; Vallejos, Badilla, Picado, & Murillo, 2010; Zobel & Talbert, 1988).

Las características que se tuvieron en cuenta fueron variables de interés forestal y se evaluaron por medio de puntajes así ( Rodríguez et al., 2011):

- **Altura total:** se utilizó un porcentaje de superioridad hallado a través de una proporción o fracción donde el numerador era la altura del candidato superior y el denominador era la media de los cinco, el cociente de este se multiplicaba por 100 y se le restaba 100 y a partir de este resultado se clasifica en un puntaje de 0 a 7 siendo 0 menos de 10% y el 7 mayores de 20% de superioridad.
- **Diámetro normal:** se midieron tanto el árbol candidato como sus respectivos testigos.
- **Volumen:** se estimó de la misma forma que la altura pero por cada 10% de exceso de volumen del árbol candidato sobre los cinco árboles de comparación se asignó un punto extra mientras que por cada 10 % de inferioridad se restaron 3 puntos.
- **Rectitud:** por ser una de las variables cualitativas de importancia al tomar decisiones es necesario definir bien si un árbol es recto verificando que no haya sido alterado por efectos externos como daños durante el control de maleza o daños mecánicos por el viento. El rango de calificación fue de 1 a 4 siendo, el 1 árboles con torceduras más que leves que impide proyectarse hasta el ápice a través de su fuste y 4 árbol perfectamente recto.
- **Diámetro de ramas:** entre menor sea el diámetro de ramas es más deseable, indicando que la madera tendrá menos defectos teniendo un puntaje de -2 a 2 donde el inferior es un diámetro muy alto respecto al fuste y 2 diámetro muy bajo respecto al fuste.
- **La copa:** se evaluó de forma subjetiva teniendo como referencia el candidato se compararon el tamaño del tronco, competencia bajo el cual ha crecido el árbol, conformación de la copa y dominancia balanceada utilizándose un rango de

calificación de -3 a 3 siendo -3 copas mucho más grandes y desbalanceada que el promedio y 3 copa mucho más pequeña y balanceada que el promedio.

- **Apariencia o sanidad:** es una variable importante ya que al ser atacado el árbol por una plaga o enfermedad significa que es susceptible siendo una causa de exclusión.

Bajo estos criterios se seleccionaron los 40 árboles *plus* que conforman la población base del programa de mejoramiento para el departamento del Tolima. A partir de estos árboles se obtuvieron las semillas para establecer el ensayo de progenies de polinización abierta para teca a partir del material vegetal producido en vivero en el Centro Universitario regional del Norte (CURDN) de la Universidad del Tolima (Rodríguez et al., 2011).

### 3.3. PREPARACIÓN DEL TERRENO

Los ensayos de progenie se establecieron bajo los mismos parámetros que las plantaciones comerciales, lo que permite expresar su genotipo en forma adecuada. El lote en el que se estableció las pruebas genéticas se le dio una adecuada preparación, constado de una limpia en la cual se eliminaron escombros, se cortaron las malezas que se encontraron, además de erradicar los arbustos desde la raíz dentro del área efectiva manual y mecánicamente. Posteriormente se procedió a aislar el sitio estableciendo una cerca de alambre alrededor del ensayo, utilizado postes inmunizados de 10 cm de diámetro y separados a una distancia de 2.5 m y se realizaron tres pases de rastra para mejorar la homogeneidad del suelo lo cual consistió en la etapa de rastrillado. Luego se procedió a subsolar el suelo utilizando un cincel que fracturo el suelo a 60 cm de profundidad. Además se realizó el trazado con delimitación de 5 metros de guarda rayas trazadas en cuadros de 3x3 m, luego un ahoyado 30x30 lo cual se comprendió en tres actividades levantamiento del lote, trazado y organización del diseño (Rodríguez & Nieto, 2004).

### 3.4. DISEÑO EXPERIMENTAL

El ensayo de progenies corresponde a un diseño experimental distribuido en bloques completamente al azar, donde un árbol es una parcela o unidad experimental. Este tipo de diseño es conocido como Single Tree Plot (STP) (Ipinza, 1998). El ensayo fue instalado en el año 2011 con material vegetal obtenido del material genético de la población base de los 40 árboles superiores (*plus*) seleccionados en los municipios de Puerto Libertador, San Antero y Canalete en el departamento de Córdoba y en el municipio de Plato, Magdalena (Tabla 1). Durante el proceso de selección de árboles *plus* se consideró una intensidad de selección de 1:100 ( $i=2.665$  utilizado para establecer huerto semillero), es decir se tomaron los mejores árboles de 100 vecinos.

**Tabla 1.** Población base de las progenies de polinización abierta de *T. grandis* evaluadas.

Procedencia	Progenies	Total de progenies	Altitud (m.s.n.m)	Precipitación (mm año <sup>-1</sup> )	Temperatura (°C)
Puerto Libertador (Córdoba)	1, 2, 3, 8, 11, 16, 25, 39	8	60	2228	27.4
Plato (Magdalena)	4, 18, 26, 27, 28, 33, 35, 40	8	20	977	28.0
San Antero (Córdoba)	5, 17, 20, 24, 34, 36, 38	7	26	1231	27.4
Canalete (Córdoba)	6, 7, 9, 10, 12, 13, 14, 15, 19, 21, 22, 23, 29, 30, 31, 32, 37	17	50	1274	28.0



Cada progenie de polinización abierta se distribuyó aleatoriamente en 30 bloques o repeticiones, el total de repeticiones de cada árbol conforman las familias o progenies de esta manera el total de la población inicialmente fue de 1200 árboles. El ensayo fue establecido con una distancia de siembra de 3 x 3 metros lo cual equivale a una densidad de siembra de 1100 árboles ha<sup>-1</sup>, el diseño consta de un área total de 1,5 ha.

### 3.5. DATOS

Las progenies fueron muestreadas en el año 2015 cuando contaba con cuatro años de edad. A todos los árboles se les midió las variables cuantitativas: diámetro a 1.3 m (d) empleando una cinta diamétrica (centímetro), altura total (h) empleando un hipsómetro laser (metros), radios de copa en las direcciones N-S-E-O (norte, sur, este y oeste) empleando un distanciómetro laser (metros). El volumen total sin corteza ( $v_{sc}$ ) para cada árbol fue calculado empleando el siguiente modelo general de volumen ajustado por López, Barrios, Trincado y Nieto (2011) dado en metros cúbicos.

$$v_{sc} = EXP(-9.8413 + 1.7434 \cdot \ln(d) + 1.0263 \cdot \ln(h))$$

A partir de los radios de copa se calculó el área de la proyección de copa (APC) como (metros cuadrados),

$$APC = \pi \cdot (\text{media}\{rN, rS, rE, rO\})^2$$

y la simetría de copa (SC) como,

$$SC = 100 \cdot \left( 1 - \frac{\text{std}\{rN, rS, rE, rO\}}{\text{media}\{rN, rS, rE, rO\}} \right)$$

donde media y std son la media y desviación estándar de los radios de copa en las direcciones norte, sur, este y oeste (rN, rS, rE y rO).

Adicionalmente, a cada árbol se le registró información cualitativa como: número de renuevos (NR), ángulo de inserción de ramas (AIR), diámetro de ramas (DR), y rectitud

fustal (RF). Para facilitar la valoración de las variables cualitativas se procedió a generar una codificación de acuerdo a Ipinza (1998). (Tabla 2.)

A partir del conteo del número de árboles se determinó el porcentaje de sobrevivencia de cada progenie, el cual se obtiene como el cociente entre el número de individuos vivos sobre el total de individuos plantados o número de repeticiones, permitiendo observar las progenies con mayor adaptabilidad a las condiciones ecológicas del área de estudio (Vásquez, 2001).

$$S\% = (N_v/N_r) * 100$$

donde S%, N<sub>v</sub> y N<sub>r</sub> son porcentaje de sobrevivientes, árboles vivos y número de repeticiones, respectivamente.

**Tabla 2.** Calificación de referencia de las variables cualitativas.

Variable	Categoría	Descripción
<b>RF</b>	1	Árbol con torceduras más que leves que impiden proyectarse hasta su altura comercial a través del fuste. Se salen en más de dos planos.
	2	Árbol recto, con más de una torcedura leve, que se salen de su eje en un plano.
	3	Árbol recto, con una leve torcedura sin salirse de su eje.
	4	Árbol perfectamente recto.
<b>DR</b>	1	Diámetros de ramas muy superiores a moderadamente superiores en promedio al diámetro del árbol.
	2	Diámetros de ramas levemente superiores en promedio al <i>d</i> .
	3	Diámetro de ramas moderadamente inferiores en promedio al <i>d</i> .
	4	Diámetros de ramas muy inferiores en promedio al <i>d</i> .
<b>AIR</b>	1	Angulo en promedio menor de 45° grados tomando 0° el eje del fuste.
	2	Angulo en promedio igual a 45°.
	3	Angulo en promedio entre 45° y 90°, es decir siendo casi perpendicular al eje fustal.

### 3.6. ANÁLISIS DE DATOS

Todos los análisis estadísticos fueron realizados usando Statistical Analysis System Institute Inc. (SAS) (2009). Debido a que el ensayo correspondió a un diseño de un árbol por parcela (STP) el siguiente modelo de análisis de varianza fue empleado para el análisis estadístico (Isik, 2009),

$$Y_{ij} = \mu + F_i + R_j + e_{ij}$$

Donde,  $Y_{ij}$  es una observación individual en la  $i$ -ésima familia en el  $j$ -ésimo bloque,  $\mu$  es la media general,  $F_i$  es el efecto de aleatorio de la  $i$ -ésima progenie ( $i = 40$ ),  $R_j$  es el efecto fijo del  $j$ -ésimo bloque ( $j = 30$ ), y  $e_{ij}$  es el error aleatorio. Los componentes de varianza fueron estimados usando el método de máxima verosimilitud restringida (REML) contenido en el procedimiento MIXED de Statistical Analysis System Institute Inc. (SAS, 2009).

Las estimaciones de la heredabilidad en sentido estricto fueron obtenidas siguiendo la formula sugerida por (Blada, 1994),

$$h_i^2 = 4\sigma_f^2 / (\sigma_f^2 + \sigma_e^2)$$
$$h_f^2 = \sigma_f^2 / (\sigma_f^2 + \sigma_e^2 / b)$$

Donde,  $h_i^2$  y  $h_f^2$  son las heredabilidades con respecto a la media individual y familiar, respectivamente,  $\sigma_f^2$  y  $\sigma_e^2$  son las varianzas debido a los efectos familiares y residuales y  $b$  es el número de bloques o repeticiones. El error estándar de las heredabilidades estimadas fue calculado a través del método delta el cual toma en cuenta la relación entre varianza-covarianza (Lynch & Walsh, 1998).

$$\text{var}(h_i^2) = \left( \frac{4\sigma_F^2}{\sigma_P^2} \right) \left[ \frac{\text{var}(4\sigma_F^2)}{(4\sigma_F^2)^2} + \frac{\text{var}(\sigma_P^2)}{(\sigma_P^2)^2} - \frac{2\text{cov}(4\sigma_F^2, \sigma_P^2)}{(4\sigma_F^2 \sigma_P^2)} \right]$$

La ganancia genética esperada resultante de la selección familiar fue estimada usando la formula,

$$G_f = i_f h_f^2 \sigma_p$$

Donde,  $\sigma_p$  es la desviación estándar de las medias familiares hallada a partir de la raíz de  $\sigma_p^2 = \sigma_f^2 + \sigma_e^2/b$ , que es la varianza de las medias familiares,  $h_f^2$  es la heredabilidad familiar,  $i_f$  es la intensidad de selección para la selección familiar. En el estudio se tomaron tres valores de  $i_f$ , 0.786, 0.951 y 1.139, correspondiendo a tres diferentes niveles de intensidad de selección 50%, 40% y 30% de familias conservadas después del raleo genético, respectivamente (Becker, 1975; NamKoong & Snyder, 1969; Raj, Sehgal, Sharma, & Sharma, 2010).

### 3.7. CORRELACIONES GENÉTICAS

Para calcular la correlación genética entre las variables analizadas, se utilizó un análisis de varianza multivariado (MANOVA) (Raj et al., 2010; Zobel & Talbert, 1988). La covarianza fue estimado por la suma de productos cruzados entre dos variables  $((x_i - \bar{x})(Y_i - \bar{y}))$  (Stonecypher, 1992). La covarianza fue estimado entre La covarianza familiar entre las variables x e y ( $COV_{f(xy)}$ ) fue calculada como :

$$COV_{f(xy)} = (MCP_{f(xy)} - MCP_{e(xy)})/b$$

Donde,  $MCP_{f(xy)}$  y  $MCP_{e(xy)}$  son los productos cruzados de los efectos familiares y residuales, respectivamente entre las variables x e y, y  $b$  es el número de repeticiones. Una vez calculada la covarianza, la correlación genética se calculó como:

$$r_{g(xy)} = \frac{COV_{f(xy)}}{[\sigma_{f(x)}^2 * \sigma_{f(y)}^2]^{1/2}}$$

Donde,  $r_{g(xy)}$  es el coeficiente de correlación genético,  $COV_{f(xy)}$  es la covarianza en familias de polinización abierta para las características x y y,  $\sigma_{f(x)}^2$  es el componente de varianza para la característica x,  $\sigma_{f(y)}^2$  es el componente de varianza para la característica y. Una

vez halladas las correlaciones genéticas se procedió a determinar la significancia de estos valores empleando una prueba estadística de *t-student* (Martínez, 2012) calculada a través de la siguiente formula:

$$t = r_{g(xy)} \sqrt{\frac{n-2}{1-r_{g(xy)}^2}}$$

Donde  $n$  es el número de pares observados ( $n = 1070$ ), y  $t$  es el valor de *t-student* calculado.

Por último, el coeficiente de variación genética aditiva fue calculado como:

$$CV_A(\%) = \frac{\sqrt{4\sigma_f^2}}{\bar{X}} * 100$$

Donde  $\sigma_f^2$  es la variación familiar y  $\bar{X}$  es el promedio de la variable de interés.

### 3.8. RANKING GENÉTICO

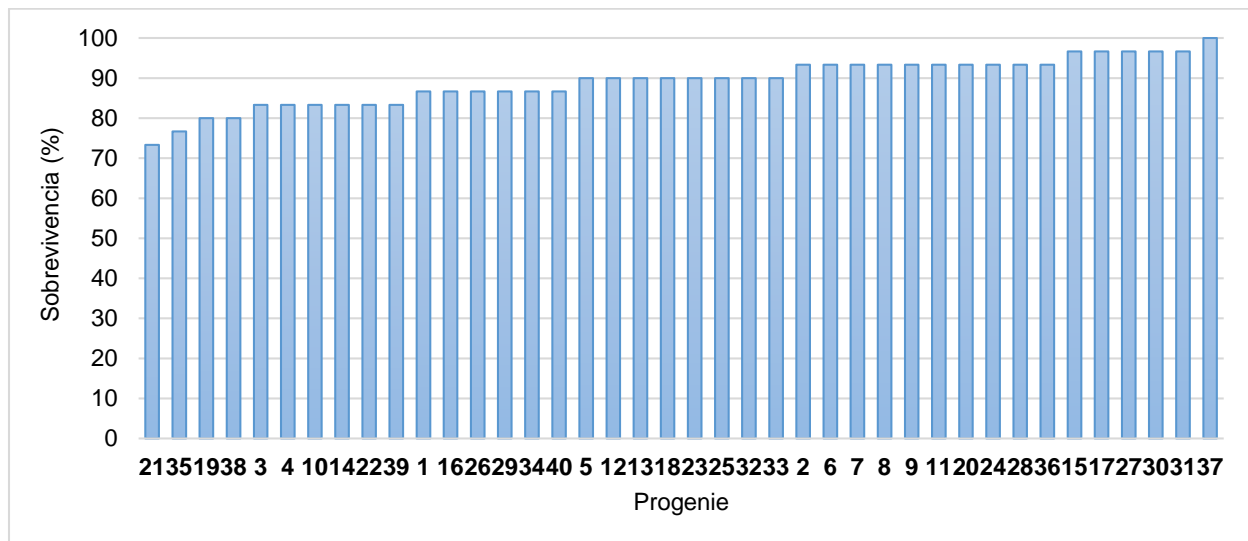
La habilidad combinatoria general de cada familia fue obtenida extrayendo los BLUP's (*best linear unbiased predictors*) generados en el análisis de varianza respecto a la media global ajustada para las 40 progenies evaluadas (Isik, 2009)). Los valores genéticos aditivos calculados permitieron determinar la superioridad genética de algunas familias por sobre otras para todas las variables medidas en el ensayo, ya que permiten identificar familias que tengan características deseables de crecimiento y calidad para realizar posibles selecciones de segunda generación. El ranking genético se construyó considerando un índice de selección del 50%, de acuerdo a los valores genéticos aditivos de cada familia obtenida para los caracteres cuantitativos y cualitativos con mayor heredabilidad. Esto permitió ordenar a las familias de acuerdo a su desempeño en crecimiento y calidad.

## 4. RESULTADOS

### 4.1. ESTADÍSTICA DESCRIPTIVA

Las 40 progenies en general muestran una buena adaptabilidad al sitio, presentando una sobrevivencia con un rango entre el 73.33 y 100%, con un promedio de sobrevivencia de 89.23%. La progenie que mostró mayor sobrevivencia es la 37 la cual tiene un 100% y la menor es la progenie 21 del 73.3%, ambas progenies originarias de Canalete, Córdoba (Figura 2). Estos valores indican que esta variable no resulta decisoria como criterio de selección de alguna progenie en particular.

**Figura 2.** Sobrevivencia en porcentaje de 40 progenies de polinización abierta de *T. grandis* a los cuatro años de edad.



Los árboles medidos presentaron un diámetro medio 3.4 a 21.6 cm (media de 13.73 cm) y altura total entre 5.3-18.4 m (media de 14.2 m) (Tabla 3). Las variables que menor variación presentan son la altura total (*h*) y el diámetro (*d*) con coeficientes de variación de 9 y 16 %. Mientras que las variables que mayor variabilidad evidencian fueron NR (157.4%), APC (58.4%) y SC (59.6%).

**Tabla 3.** Media, rango, desviación estándar (STD) y coeficiente de variación (CV%) en variables cuantitativas y cualitativas

Variable	Media	Rango	STD	CV (%)
$d$ (cm)	13.736	3.438 - 21.55	2.273	16.5
$h$ (m)	14.157	5.3 - 18.4	1.348	9.5
$v_{sc}$ (m <sup>3</sup> )	0.080	0.003 - 0.181	0.026	32.4
APC (m <sup>2</sup> )	7.409	0.358 - 33.49	4.330	58.4
SC (%)	79.516	5.162 – 98.999	12.217	59.6
NR	0.736	0 - 8	1.159	157.4
RF	3.347	1 - 4	0.822	24.6
DR	3.078	1 - 4	0.609	19.8
AIR	2.040	1 - 3	0.863	42.3

Donde la desviación estándar es STD. Coeficiente de variación CV (%). Diámetro fustal medido en centímetros tomado a 1.30 m es  $d$ . Altura total medida en metros es  $h$ . Volumen comercial sin corteza medida en metros cúbicos es  $V_{sc}$ . Área de proyección de corteza medida en metros cuadrados es APC. Simetría de copa es SC. Numero de renuevos es NR. Rectitud fustal es RF. Diámetro medio de ramas en comparación al tronco principal es DR. Angulo de inserción de la rama.

#### 4.2. VARIANZA Y HEREDABILIDAD ESTIMADA

Los componentes de varianza familiar ( $\sigma^2_f$ ) fueron bajos, siendo los más altos el del  $d$  y  $v_{sc}$  con 4.4% y 3.8% de la variación total fenotípica, respectivamente. La heredabilidad determinada con base en la media individual ( $h^2_i$ ) fue moderada para la mayoría de variables evaluadas. Las variables  $d$  y  $v_{sc}$  mostraron las mayores heredabilidades individuales con valores de  $0.174 \pm 0.071$  y  $0.15 \pm 0.07$ , respectivamente (Tabla 5). En cuanto a las variables de calidad como el APC, AIR y NR presentaron heredabilidades que oscilaron entre 0.10-0.12. Las restantes variables presentaron heredabilidades muy bajas a nulas. La heredabilidad basada en la media familiar siguió el mismo comportamiento que la heredabilidad individual, sin embargo, presentó valores mayores

a está. Debido a los bajos valores de variación familiar, los coeficientes de variación de los efectos genético aditivos fueron bajos, sin embargo, se destaca el NR con un  $CV_A$  de 47.9%, el APC con 17.7%, AIR con 13.84%, y  $v_{sc}$  con 11.18% (Tabla 4).

#### **4.3. GANANCIA GENÉTICA**

Las ganancias genéticas obtenidas para cada variable son presentadas en la Tabla 4. La variable que mayor ganancia promedio presentó es el NR alcanzado un valor de hasta el 17% cuando se emplea una selección del 30% de las progenies, siendo consistente al tener una  $h^2_r = 0.40$  y un  $CV_A = 47.96\%$ . La ganancia genética en  $v_{sc}$ , APC y AIR alcanzó valores medios de 4.98%, 6.64% y 5.25% cuando se aplica un índice de selección del 30% de las progenies. Por otro lado, la altura y la rectitud fustal muestran valores de ganancia genética muy pequeños cercanos a cero.



**Tabla 4.** Varianza, heredabilidad, coeficiente de variación aditiva ( $CV_A\%$ ) y ganancia genética estimada para las variables interés.

Variable	$\sigma^2_f$	$\sigma^2_e$	$h_i^2 \pm SE$	$h_r^2 \pm SE$	$CV_A (\%)$	$G_f$		
						50%	40%	30%
$d$ (cm)	0.21845 (4.4)†	4.8011 (95.6)	$0.17 \pm 0.07$	$0.55 \pm 0.11$	6.81	0.27 (1.98)††	0.33 (2.4)	0.39 (2.87)
$h$ (m)	0.00387 (0.2)	1.6215 (99.8)	$0.01 \pm 0.04$	$0.06 \pm 0.22$	0.88	0.01 (0.08)	0.01 (0.1)	0.02 (0.12)
$v_{sc}$ (m <sup>3</sup> )	0.00002 (3.8)	0.00061 (96.2)	$0.15 \pm 0.07$	$0.51 \pm 0.11$	11.18	0.0028 (3.44)	0.0033 (4.16)	0.004 (4.98)
APC (m <sup>2</sup> )	0.43089 (2.9)	14.61401 (97.1)	$0.12 \pm 0.06$	$0.44 \pm 0.13$	17.72	0.34 (4.58)	0.41 (5.54)	0.50 (6.64)
SC (%)	7.53899 (1.3)	141.57219 (98.7)	$0.05 \pm 0.05$	$0.26 \pm 0.17$	6.91	0.56 (0.70)	0.67 (0.84)	0.80 (1.01)
NR	0.03115 (2.4)	1.25738 (97.6)	$0.10 \pm 0.06$	$0.40 \pm 0.14$	47.96	0.09 (11.85)	0.11 (14.34)	0.13 (17.18)
RF	0.00034 (0.1)	0.4838 (99.9)	$0.003 \pm 0.04$	$0.02 \pm 0.22$	1.10	0.002 (0.06)	0.0024 (0.07)	0.0029 (0.09)
DR	0.00237 (0.7)	0.34765 (99.3)	$0.03 \pm 0.04$	$0.15 \pm 0.19$	3.16	0.01 (0.49)	0.02 (0.59)	0.02 (0.70)
AIR	0.01992 (2.9)	0.66704 (97.1)	$0.12 \pm 0.06$	$0.44 \pm 0.13$	13.84	0.07 (3.62)	0.09 (4.38)	0.11 (5.25)

SE = Error estándar cada variable.

† Valores en paréntesis son el porcentaje del total de la varianza.

†† Valores en paréntesis son el porcentaje de la ganancia obtenida sobre la media por cien de la respectiva variable analizada. Los valores decimales indica el incremento esperado en promedio en las mismas unidades que las variables estudiadas.

$\sigma^2_f$  variación familiar.  $\sigma^2_e$  variación debida a los efectos residuales o ambientales.  $h_i^2$  heredabilidad media individual.  $h_r^2$  heredabilidad debido a la media familiar.  $G_f$  ganancia familiar a intensidades de selección familiar 50% (20 progenies), 40% (16 progenies) y 30%(12 progenies). Diámetro a 1.3 m de la base del árbol ( $d$ ). Altura total ( $h$ ). Volumen árbol individual sin corteza ( $V_{sc}$ ). Área de proyección de la copa (APC). Simetría de copa (SC). Numero de renuevos (NR). Rectitud fustal (RF). Diámetro medio de las ramas en comparación con el fuste (DR). Angulo de inserción de las ramas (AIR).

#### 4.4. CORRELACIONES GENÉTICAS

La correlación genética entre las variables evaluadas es presentada en la Tabla 5. Cabe anotar que no fue posible calcular la correlación entre algunas variables, principalmente aquellas que presentaron una baja a nula heredabilidad como  $h$ , SC, RF y DR (Tabla 5). El volumen ( $v_{sc}$ ) correlacionó positivamente con el  $d$ ,  $h$ , APC, RF y SC. Árboles de mayor diámetro y mayor altura tendrán mayor volumen, así mismo, árboles más rectos con copa grande y simétrica igualmente producirán mayor volumen. Por otro lado, el  $v_{sc}$  mostró correlaciones negativas moderadas con DR. El  $v_{sc}$  no correlacionó con el NR y AIR. Estas variables probaron ser independientes, es decir, las ganancias genéticas obtenidas de la combinación de estas serían aditivas.

**Tabla 5.** Coeficiente de correlación genética entre las variables de estudio ( $n = 1070$ ).

	$d$	$h$	$v_{sc}$	APC	SC	NR	RF	DR
$h$	0.94***							
$v_{sc}$	0.99***	—						
APC	0.73***	-0.09**	0.66***					
SC	0.48***	—	0.38***	0.97***				
NR	-0.04 <sup>ns</sup>	0.03 <sup>ns</sup>	-0.11***	-0.27***	-0.23***			
RF	0.50***	—	0.68***	0.32***	—	—		
DR	-0.34***	0.18***	-0.34***	-0.49***	-0.63***	-0.16***	—	
AIR	-0.05 <sup>ns</sup>	0.63***	0.02 <sup>ns</sup>	0.24***	0.03 <sup>ns</sup>	-0.16***	—	—

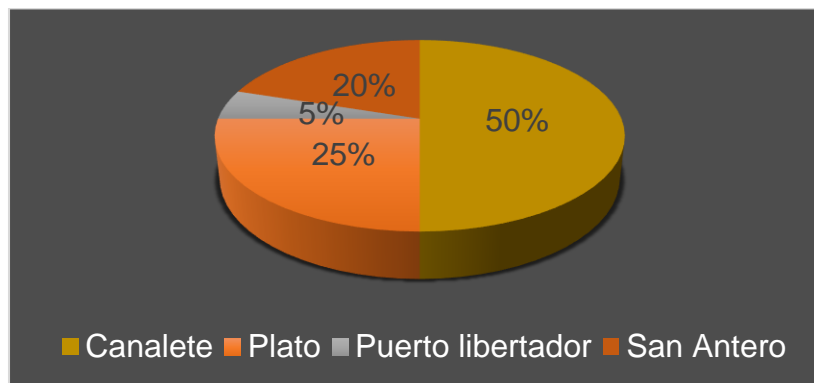
Significancia de la correlación: ns = no significativo; \* =  $p < 0.05$ ; \*\*  $p < 0.01$ ; \*\*\* =  $p < 0.001$ .

Donde  $h$  (altura total),  $d$  (diámetro medido a la altura de 1.3 m),  $v_{sc}$  (volumen a nivel de árbol individual sin corteza), APC (área de proyección de copa), SC (simetría de copa), NR (Numero de renuevos), RF (rectitud fustal) y DR (Diámetro promedio de ramas en comparación con el fuste).

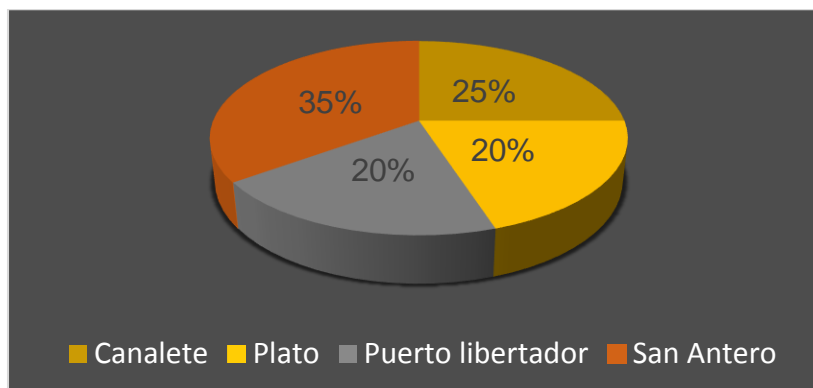
#### 4.5. RANKING GENÉTICO

En la Tabla 6 se presenta el ranking genético para las 20 mejores progenies, de acuerdo a los valores obtenidos en heredabilidad familiar, ganancia genética y las correlaciones genéticas se construyeron rankings considerando las variables  $v_{sc}$ , AIR y NR. Estas variables están relacionadas directamente con el tamaño y calidad del árbol. Solo cuatro progenies son comunes en los tres rankings construidos (Tabla 6). Las progenies 19, 37, 38, 31 y 20 ocuparon los cinco primeros lugares del ranking en cuanto a  $v_{sc}$ . Para el caso del AIR los primeros lugares fueron ocupados por progenies diferentes (14, 34, 15, 9, 5). Para la variable NR las mejores progenies son la 22, 24, 5, 21, 7. Sin embargo, las mejores cinco progenies de los tres rankings son procedentes de los municipios de Canalete y San Antero, Córdoba.

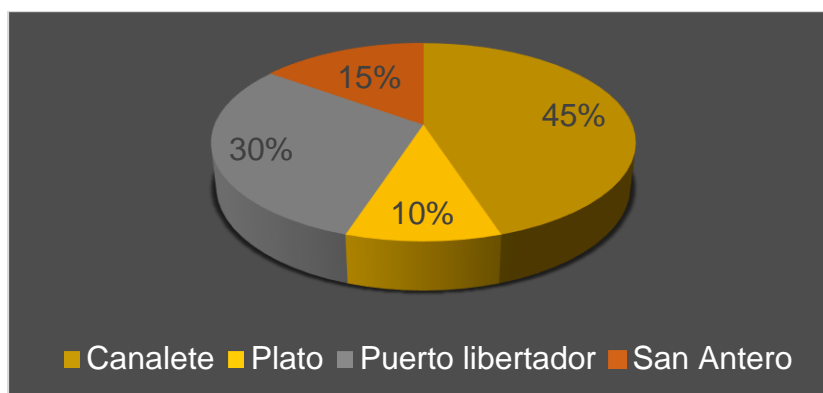
**Figura 3.** Representatividad por municipio de las mejores procedencias que mostraron mayor ganancia genética a una intensidad de selección familiar de 50% (20 mejores progenies) en las ganancias genéticas de  $V_{sc}$  (Volumen sin corteza).



**Figura 4.** Representatividad por municipios de las mejores procedencias que mostraron mayor ganancia genética a una intensidad de selección familiar de 50% (20 mejores progenies) con las menores ganancias genéticas de NR (número de renuevos).



**Figura 5.** Representatividad por municipios de las mejores procedencias que mostraron mayor ganancia genética a una intensidad de selección familiar de 50% (20 mejores progenies) en las ganancias genéticas de AIR (Angulo de inserción de las ramas).

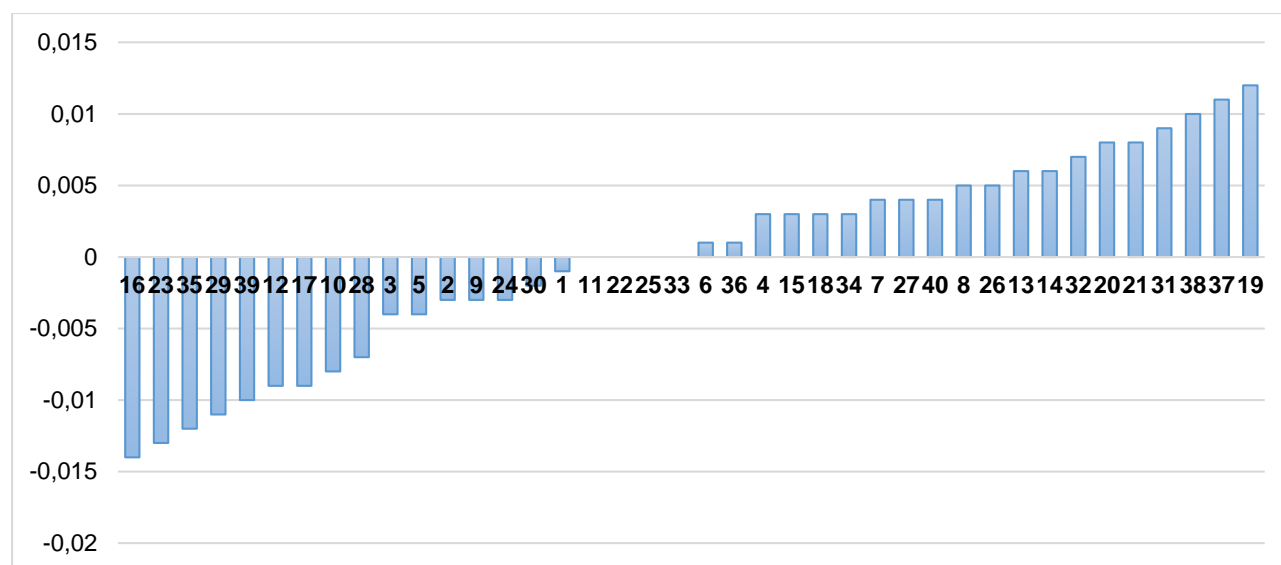


**Tabla 6.** Ranking genético de progenies de *T. grandis*. Las progenies comunes en los rankings se resaltan con negrilla. En paréntesis se presentan los valores genéticos familiares en porcentaje respecto a la media global de todas las progenies.

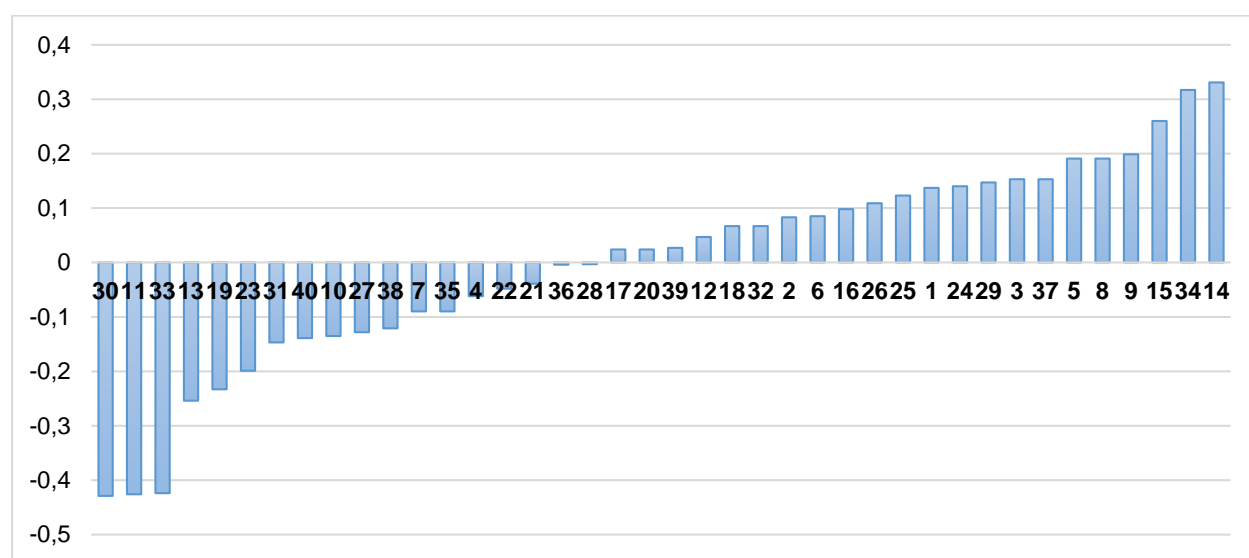
Posición	Mayor $v_{sc}$	Mayor AIR	Menor NR
1	19 (15)	14 (16)	22 (-52)
2	37 (13)	<b>34 (16)</b>	24 (-51)
3	38 (13)	15 (13)	5 (-45)
4	31 (12)	9 (10)	21 (-45)
5	20 (10)	5 (9)	7 (-39)
6	21 (10)	<b>8 (9)</b>	39 (-28)
7	32 (9)	3 (8)	<b>34 (-26)</b>
8	13 (8)	37 (7)	25 (-25)
9	14 (8)	29 (7)	<b>26 (-24)</b>
10	<b>8 (6)</b>	24 (7)	36 (-23)
11	<b>26 (6)</b>	1 (7)	40 (-22)
12	40 (5)	25 (6)	27 (-18)
13	27 (5)	<b>26 (5)</b>	17 (-17)
14	7 (5)	16 (5)	33 (-13)
15	4 (4)	<b>6 (4)</b>	23 (-13)
16	<b>34 (4)</b>	2 (4)	<b>8 (-9)</b>
17	18 (4)	18 (3)	20 (-8)
18	15 (4)	32 (3)	38 (-5)
19	<b>6 (1)</b>	12 (2)	<b>6 (-3)</b>
20	36 (1)	39 (1)	16 (-2)

Donde los valores en ( ) son ganancias genéticas en porcentaje por familia derivada de comparar los promedio de los fenotipos de interés de la característica estudiada menos el promedio general ajustado, es decir el diferencial de selección (S) visto prácticamente como actitudes combinatorias generales (ACG) derivándose de estos los valores de cruce o Breeding Valué (BV) que es 2ACG y este sobre la media ajustada por cien.

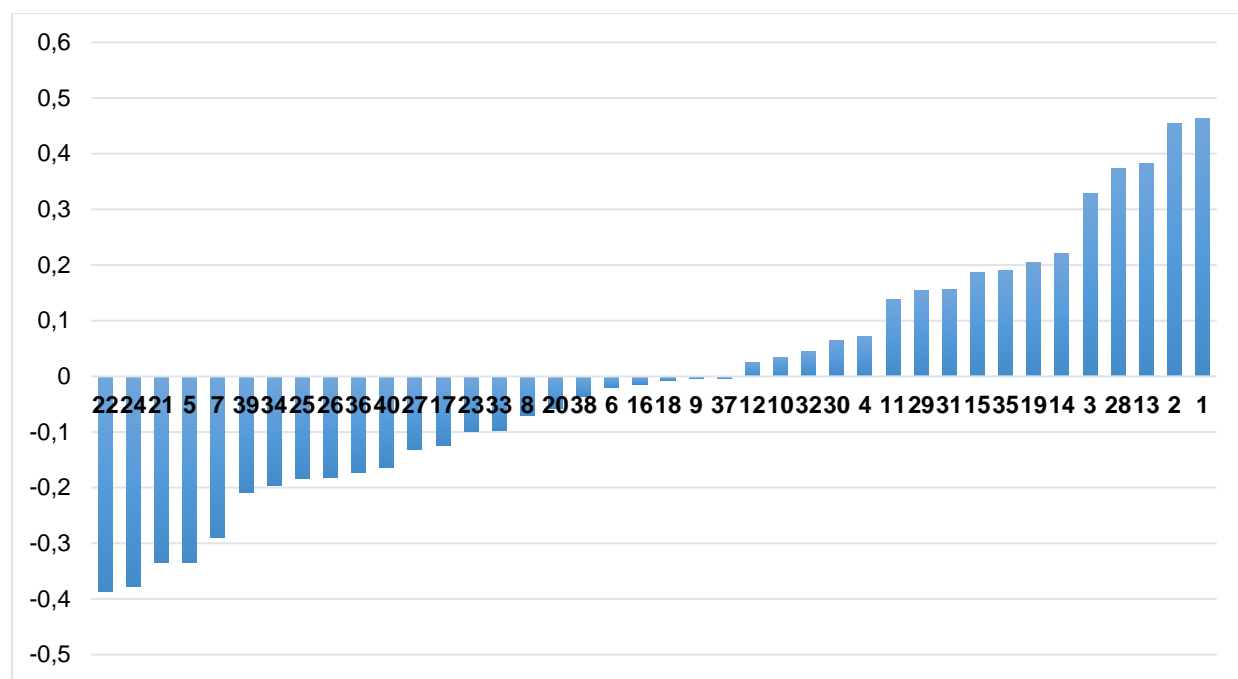
**Figura 6.** Diagrama de barras donde se muestra el número de progenies versus valores de cruza (BV) o valores genéticos del volumen total sin corteza árbol individual  $V_{sc}$  (m<sup>3</sup>).



**Figura 7.** Diagrama de barras donde se muestra el número de progenies versus valores de cruza (BV) o valores genéticos del ángulo de inserción de las ramas AIR (°). The x-axis represents the number of progenies (1 to 30), and the y-axis represents the angle (°) ranging from -0,5 to 0,4. The bars show a general upward trend, starting from negative values and reaching positive values around the 15th progeny.



**Figura 8.** Diagrama de barras donde se muestra el número de progenies versus valores de crusa (BV) o valores genéticos de número de renuevos NR.



## 5. DISCUSIÓN

En general, la sobrevivencia del ensayo (89%) evaluado a los 4 años de edad, puede ser considerado como alta (Callister & Collins, 2008; Chaix et al., 2011; Goh et al., 2013). Este resultado demuestra la buena adaptación de la especie a las condiciones del área de estudio debido a que el ensayo está ubicado en una zona que suple ciertas necesidades de la especie (Fonseca, 2004).

Las variables de ángulo de inserción de la rama y el diámetro promedio de las ramas con respecto al fuste muestran en sus estadísticas descriptivas que la población tiene condiciones ideales con ramas pequeñas en relación al fuste y ramas casi perpendiculares o en su mayoría ligeramente ascendentes con respecto al tronco indicando una buena selección de las progenies.

Goh *et al.* (2013) reportó heredabilidades individuales de 0.082, 0.095, y 0.125 para diámetro, altura y volumen, respectivamente, similares a las encontradas en el presente estudio. Similar que Narayanan, Chawhaan & Mandal (2009) el estudio las heredabilidades familiares fueron mayores que las heredabilidades individuales. Hay que mencionar que se espera por lo general valores de heredabilidad más altos para altura (Cornelius, 1994) sin embargo, en nuestro estudio se puede asociar al cierre de dosel y competencia por la luz lo cual es respaldado en las altas correlaciones entre las variables (Chaix et al., 2011).

La característica del número de renuevos presento la mayor ganancia genética esperada entre las características en el presente ensayo de progenie logrando hasta un 17% a un índice de selección de 30%. Evaluar dicha característica es importante ya que al poder escoger progenies que naturalmente a una temprana edad muestren poca presencia de estos renuevos seleccionando los que menor ganancia presenten en dicha característica, ya que estos retrasan el crecimiento debido a la competencia cuando la especie es cultivada comercialmente (Fonseca, 2004). Sin embargo en el presente estudio dicha variable no presento una correlación significativa con el diámetro, altura total y volumen



lo que indica que al basarnos en esta variable para la selección, no se tendría una mejora en otras de gran importancia y más bien sería un valor agregado a las buenas características de los mejores individuos tanto para volúmenes e inserciones de ramas.

En nuestro estudio la ganancia esperada promedio del ensayo para el volumen sin corteza a la máxima intensidad evaluada (30%) es de 5% lo cual es menor que la ganancia esperada reportada para el trabajo de Espitia, Murillo y Castillo (2011) en la selección árboles *plus* la cual reporta un valor de 12.5% pero que puede ser debido al sesgo que hay al hacer la comparación entre los mejores individuos, también reporto valores de ganancia genética de 17% y 9% para altura total y calidad fustal respectivamente.

Estudios previos han reportado escasa correlación entre caracteres de índole cuantitativo y cualitativo (Chaix et al., 2011). Contrariamente, el presente estudio encontró correlaciones significativas entre caracteres cuantitativos y cualitativos. El análisis de correlación entre caracteres cuantitativos y cualitativos mostró que árboles de mayor diámetro y mayor altura tendrán mayor volumen, así mismo, árboles más rectos con copa grande y simétrica igualmente producirán mayor volumen. Por otro lado, el  $v_{sc}$  mostró correlaciones negativas moderadas con DR.

El ranking genético construido a partir de los BLUP's respecto a la media de todas las 40 progenies, permitió seleccionar a partir de la población base un conjunto de progenies con características deseables en cuanto a volumen, número de renuevos y ángulo de inserción de las ramas. Estas variables no se correlacionaron entre sí, probando ser independientes, por lo tanto, las ganancias genéticas obtenidas de la combinación de estas se esperan sean aditivas. En el estudio se comprobó que las progenies mejor ubicadas en el ranking genético provienen de los municipios de Canalete y San Antero, Córdoba.

## 6. CONCLUSIONES

Las 40 progenies evaluadas presentaron buena adaptabilidad al sitio, reflejándose con una sobrevivencia media del 89%. Las variables evaluadas presentaron diferencias significativas reflejadas en sus coeficientes de variación altos, mostrando que el ensayo posee una buena variabilidad genética.

Las variable de ángulo de inserción de las ramas y el diámetro promedio de las ramas con respecto al fuste muestran en sus estadísticas descriptivas que la población tiene condiciones ideales con ramas pequeñas en relación al fuste y ramas casi perpendiculares o en su mayoría ligeramente ascendentes con respecto al tronco indican una buena selección de las progenies.

Las variables que mayor heredabilidad individual y familiar presentaron fueron el diámetro, volumen, área de proyección de copas, número de renuevos, y ángulo de inserción de ramas con valores que oscilan entre 0.10 a 0.17 y 0.40 a 0.55, respectivamente.

El coeficiente de variación genético aditivo muestra que hay una diferencia genética entre las progenies en las características que mostraron mayor control genético, estas son diámetro, volumen, área de proyección de copas, número de renuevos y el ángulo de inserción de las ramas.

En el estudio se comprobó que las progenies mejor ubicadas en el ranking genético provienen de los municipios de Canalete y San Antero, Córdoba. El ranking genético fue construido con respecto a la media de todas las 40 progenies, seleccionando un conjunto de progenies con características deseables en cuanto a volumen, número de renuevos y ángulo de inserción de las ramas.

El análisis de correlación entre caracteres cuantitativos y cualitativos mostró que árboles con mayor volumen individual producirán mayores ganancias en altura y diámetro. Así

mismo arboles más rectos con copas grandes y simétricas producirán mayor volumen. Por otro lado el volumen al ser mejorado puede presentar un pequeñísimo incremento en el tamaño de ramas por la correlación negativa.

## RECOMENDACIONES

Con base en este estudio se sugiere dejar las mejores 20 ( $i_f = 50\%$ ) progenies obtenidas de los árboles *plus* de la población base, como parte de un primer raleo genético, como lo sugieren Rodríguez, Urueña y Borralho (2011). A partir de estas progenies seleccionadas principalmente por presentar las mejores respuestas en volumen se recomienda evaluar otros caracteres de interés comercial como son las propiedades físicas y mecánicas de la madera.

Se recomienda continuar con la medición y evaluación de los ensayos que hacen parte de las estrategias de mejoramiento genético de *Tectona grandis* en la Granja de Armero, dando al ciclo de mejoramiento genético a fases más avanzadas de éste. De esta manera poder establecer huertos semilleros clonales y ensayos de progenies de segunda generación con los mejores individuos superiores encontrados.

## REFERENCIAS

- Angiosperm Phylogeny Group. (2009). An update of the angiosperm phylogeny group classification for the orders and families of flowering plants: APG III. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 161(2), 105–121.
- Arévalo, R., & Londoño, A. (2005). *Manual para la identificación de maderas que se comercializan en el departamento del Tolima*. Ibagué, Colombia: Universidad del Tolima, Corporacion Autonoma Regional del Tolima CORTOLIMA. Recuperado de [http://www.ut.edu.co/academico/images/archivos/Fac\\_Forestal/Documentos/LIBROS/Libro\\_maderas.pdf](http://www.ut.edu.co/academico/images/archivos/Fac_Forestal/Documentos/LIBROS/Libro_maderas.pdf)
- Becerra, J., & Silva, L. (2012). *Silvicultura de las plantaciones y mejoramiento genético* (Universida). Bogotá: Universidad Distrital Francisco José de Caldas.
- Becker, W. (1975). *Manual of procedures in quantitative genetics* (3dr ed.). Pullman, Washington: Washington State University Press.
- Blada, I. (1994). Performance of open-pollinated families of blue pine in Romania. *Silvae Genetica*, 43(4), 231– 238.
- Callister, A., & Collins, S. (2008). Genetic parameter estimates in a clonally replicated progeny test of teak ( *Tectona grandis* Linn . f.). *Tree Genetics & Genomes*, 4, 237–245. <http://doi.org/10.1007/s11295-007-0104-2>
- Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza. (1992). *Manual sobre mejoramiento genético forestal con referencia especial a América Central*. (J. Cornelius, J. Mesén, & E. Corea, Eds.). Turrialba, Costa Rica: Departamento Noruego de Coperación para el Desarrollo (DDC), Administracion Britanica para el Desarrollo en Ultramar (ODA), Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE). Recuerado de

[https://www.researchgate.net/publication/259366028\\_Manual\\_sobre\\_Mejoramiento\\_Genetico\\_Forestal\\_con\\_referencia\\_especial\\_a\\_America\\_Central](https://www.researchgate.net/publication/259366028_Manual_sobre_Mejoramiento_Genetico_Forestal_con_referencia_especial_a_America_Central)

Chaix, G., Monteuis, O., Garcia, C., Alloysius, D., Gidiman, J., Bacilieri, R., & Goh, D. (2011). Genetic variation in major phenotypic traits among diverse genetic origins of teak ( *Tectona grandis* L . f .) planted in Taliwas, Sabah, East Malaysia. *Annals of Forest Science*, 68, 1015–1026. <http://doi.org/10.1007/s13595-011-0109-8>

Chaves, E., & Fonseca, W. (1991). *Serie técnica. Informe técnico no. 179 : Teca (Tectona grandis L.f.) árbol de uso múltiple en América Central*. Turrialba, Costa Rica.: Centro Agronomico Tropical de Investigacion y Enseñanza (CATIE).

Corporación Autónoma Regional del Centro de Antioquia. (1991). *Programa Biodiversidad para el Desarrollo en la Jurisdicción de CORANTIOQUIA. Subproyecto Mejoramiento y Conservación de Recursos Genéticos Forestales. Selección, Clasificación y Manejo de Fuentes semilleras. Recoleccion y Procesamiento de Semillas*. Medellín. Recuperado de [http://www.corantioquia.gov.co/sitios/ExtranetCorantioquia/ciadoc/FLORA/AIRNR\\_FLORA\\_1440Le\\_1999.pdf](http://www.corantioquia.gov.co/sitios/ExtranetCorantioquia/ciadoc/FLORA/AIRNR_FLORA_1440Le_1999.pdf)

Corporación Nacional de Investigación y Fomento Forestal. (2004). *Asistencia técnica al desarrollo tecnológico del sector forestal a nivel nacional: Informe final Programa de mejoramiento genético para especies forestales*. Recuperado de <http://bibliotecadigital.agronet.gov.co/handle/11348/4095>

Daniel, T., Helms, J., & Backer, F. (1982). *Principios de Silvicultura*. (1da. Traducción al Español, R. Elizondo, A. Sierra, & O. Yañez, Eds.) (Segunda ed). Mexico D.F.: Libros McGRAW-HILL DE MEXICO, S.A. DE C.v.

Espitia, M., Murillo, O., & Castillo, C. (2011). Ganancia genética esperada en Teca (*Tectona grandis* L.f.) en Córdoba (Colombia). *Colombia Forestal*, 14(1), 81–93.

Falconer, D. (1989). *Introduction to Quantitative Genetics* (Third). Harlow, England: Longman Scientific and Technical.

Fonseca, W. (2004). *Manual para productores de Teca (Tectona grandis L. f) en Costa Rica*. Heredia, Costa Rica. Recuperado de [http://www.sirefor.go.cr/Documentos/Reforestacion/2004\\_Fonseca\\_ManualProductoresTeca.pdf](http://www.sirefor.go.cr/Documentos/Reforestacion/2004_Fonseca_ManualProductoresTeca.pdf)

Goh, D., Japarundin, Y., Alwi, A., Lapammu, M., Flori, A., & Monteuiis, O. (2013). Growth differences and genetic parameter estimates of 15 teak (*Tectona grandis* L . f.) genotypes of various ages clonally propagated by microcuttings and planted under humid tropical conditions. *Silvae Genetica*, 62(4–5), 196–206.

Indira, E., & Muralidharan, E. (2005). KFRI Research Report No. 267: Genetic improvement of Teak. Peechi – 680 653, Thrissur District, Kerala State, India: Kerala Forest Research Institute. An Institution of Kerala State Council for Science, Technology and Enviroment. Recuperado de <http://www.docs.kfri.res.in/kfri-rr/kfri-rr267.pdf>

Instituto Geográfico Agustín Codazzi. (2004). *Estudio general de suelos y zonificación de tierras. Departamento del Tolima. Escala 1:100000*. Bogotá D.C.: Instituto Geográfico Agustín Codazzi (IGAC) - Subdirección de Agrología - Grupo Interno de trabajo Levantamiento de suelos. Recuperado de <http://www.igac.gov.co:10040/wps/portal/igac/raiz/iniciohome/MapasdeColombia/Aplicaciones/LevantamientoDeSuelos>

Ipinza, R., Gutiérrez, B., & Emhart, V. (1998). *Mejora genética forestal operativa*. (R. Ipinza, B. Gutiérrez, & V. Emhart, Eds.). Valdivia, Chile. Recuperado de [https://www.researchgate.net/publication/253340301\\_Curso\\_Mejora\\_Genetica\\_Forestal\\_Operativa](https://www.researchgate.net/publication/253340301_Curso_Mejora_Genetica_Forestal_Operativa)

- Ipinza, R. H. (1998). *Mejoramiento genético forestal. Serie técnica No. 42*. Santafé de Bogotá: Programa CONIF-Ministerio de Agricultura Sobre la investigación en Semillas de Especies Forestales Nativas (INSEFOR).
- Isik, F. (2009). *Analysis of half-sib progeny tests in forestry*. Raleigh, Carolina del Norte.
- Kaosa-ard, A., Khāosa'āt, A., Suangtho, V., & Kjær, E. (1998). *Experience from Tree Improvement of Teak (Tectona Grandis) in Thailand*. Technical note / Danida Forest Seed Centre. Danida Forest Seed Centre. Recuperado de [https://books.google.com.co/books/about/Experience\\_from\\_Tree\\_Improvement\\_of\\_Teak.html?id=PHd3QwAACAAJ&redir\\_esc=y](https://books.google.com.co/books/about/Experience_from_Tree_Improvement_of_Teak.html?id=PHd3QwAACAAJ&redir_esc=y)
- Kerala Forest Research Institute, & International Tropical Timber Organization. (2008). Processing and marketing of teak wood products of planted Forests. In K. M. Bhat, M. Balasundaran, K. V. Bhat, E. M. Muralidharan, & P. K. Thulasidas (Eds.), *Proceedings of the Regional Workshop held during 25-28 September 2007* (p. 335). Peechi, India: Kerala Forest Research Institute, Peechi, Kerala, India (KFRI) y International Tropical Timber Organization, Japan (ITTO).
- Kollert, W., & Cherubini, L. (2012). Teak resources and market assessment 2010 (*Tectona grandis* Linn. F.). Roma, Italy: FAO Planted Forests and Trees Working Paper FP/47/E. Recuperado de <http://www.fao.org/3/a-an537e.pdf>
- Landrach, W. (2009). *Special report: Management of Teak plantations for solid wood products*. Bethesda, Maryland, USA.
- Levia, A. (2009). *Propagación vegetativa de la Teca por el método de miniestacas*. Bogotá Colombia.
- López, A., Barrios, A., Trincado, G., & Nieto, V. (2011). *Monitoreo y modelamiento del*



*crecimiento para el manejo de plantaciones forestales comerciales*. Bogotá D.C., Colombia: Corporación Nacional de Investigación y Fomento Forestal-CONIF-Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural-MADR.

Lynch, M., & Walsh, B. (1998). *Genetics and analysis of quantitative traits*. Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc.

Marín Montoya, J. D. (2009). *Heredabilidad de algunas propiedades físicas, mecánicas y la durabilidad natural de la madera de teca proveniente de ensayos clónales de la región de Nicoya*. Universidad del Tolima.

Martínez, C. (2012). *Estadística y muestreo* (13th ed.). Bogotá: Ecoe Ediciones.

Mora, F., & Zamudio, F. (2006). Variabilidad genética del crecimiento en progenies selectas de *Pinus radiata*. *Ciência Florestal, Santa Maria*, 16(4), 399–405. Recuperado de <http://www.redalyc.org/pdf/534/53416405.pdf>

NamKoong, G., & Snyder, E. (1969). Accurate values for selection intensities. *Silvae Genetica*, 18(5–6), 172–173.

Narayanan, C., Chawhaan, P. H., & Mandal, A. K. (2009). Inheritance pattern of growth and wood traits in teak ( *Tectona grandis* L . f .). *Silvae Genetica*, 58(3), 97–101.

Ordóñez, J. L. (2013). Plantaciones de teca : Negocio en alza. *Revista El Mueble Y La Madera (M&M)*, Ed. No 80(Junio-Agosto 2013), 20–25. Recuperado de <http://www.revista-mm.com/edicion.php?edicion=80>

Organización de la Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2014). *Plan de acción mundial para la conservación, la utilización sostenible y el desarrollo de los recursos genéticos forestales*. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Fao Inter-departmental Working. Recuperado de

<https://books.google.com.co/books?id=hOlujwEACAAJ>

Pastrana, I., Espitia, M., & Murillo, O. (2012). Evaluación del potencial de mejoramiento genético en el crecimiento en altura de *Acacia mangium* Willd. *Acta Agronómica*, 61(2), 143–150.

Pavlotzky, B., & Murillo, O. (2012). Ganancia genética esperada en *Acacia mangium* en los Chiles, zona norte de Costa Rica. *Agronomía Mesoamericana*, 23(1), 93–106. Recuperado de [http://www.mag.go.cr/rev\\_meso/v23n01\\_093.pdf](http://www.mag.go.cr/rev_meso/v23n01_093.pdf)

Pereira Villamil, G. (1994). *Crecimiento y patrones de heredabilidad de la progenie de polinización abierta de Crupressus lusitanica en diez ensayos a la edad de diez años*. Medellín.

Poehlman, J. (1976). *Mejoramiento Genetico de las cosechas*. (M. Guzman, M. Hernandez, & M. Serrano, Eds.) (Limusa). Mexico: Limusa. Recuperado de <https://books.google.com.co/books?id=aCwlnQEACAAJ>

Raj, A., Sehgal, R. N., Sharma, K. R., & Sharma, P. K. (2010). Genetic variation in wood specific gravity among half-sib families of chir pine (*Pinus roxburghii* sargent). *New Forests*, 40, 213–227. <http://doi.org/10.1007/s11056-010-9195-y>


Rodriguez, J., & Nieto, V. (2004). *Programa de Investigacion en Semillas Forestales de Especies Nativas - Insefor*. Bogotá D.C. Recuperado de <http://bibliotecadigital.agronet.gov.co/bitstream/11348/6703/2/016.pdf>

Rodríguez, J., Urueña, E., & Borralho, N. (2011). *Mejoramiento de semillas para incrementar las plantaciones de teca (Tectona grandis L.F.) y melina (Gmelina arborea Roxb.) en el departamento del Tolima*. Bogotá D.C., Colombia: Corporación Nacional de Investigacion y Fomento Forestal- CONIF-Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural-MADR.

- Sreekanth, P., Balasundaran, M., & Nazeem, P. (2014). Genetic and morphological variation in natural teak (*Tectona grandis*) populations of the Western Ghats in Southern India. *Journal of Forestry Research*, 25(4), 805–812. <http://doi.org/10.1007/s11676-014-0528-0>
- Statistical Analysis System Institute Inc. (SAS). (2009). User's guide 2a ed. Version 9.2 for Windows. Cary, NC, EUA.
- Stonecypher, R. (1992). Computational methods. In Fins L, Friedman ST, & Brotschol JV (Eds.), *Handbook of Quantitative Forest Genetics* (pp. 198–228). Dordrecht: Kluwer.
- Trujillo, E. (2009). *Guía de reforestación: Los árboles. Adaptación, características, producción, usos, manual de vivero, plantación y manejo silvicultural* (2da ed.). Bogotá: Profanor del Ecuador S.A.
- Unidad de Planificación Rural Agropecuaria. (2015). *Zonificación para plantaciones forestales con fines Comerciales-Colombia, escala 1:100.000. Memoria técnica*. Bogotá D.C.
- Vallejos, J., Badilla, Y., Picado, F., & Murillo, O. (2010). Metodología para la selección e incorporación de árboles plus en programas de mejoramiento genético forestal. *Agronomía Costarricense*, 34(1), 105–119. Recuperado de [http://www.scielo.sa.cr/scielo.php?pid=S0377-94242010000100011&script=sci\\_arttext&tlng=en](http://www.scielo.sa.cr/scielo.php?pid=S0377-94242010000100011&script=sci_arttext&tlng=en)
- Vásquez, A. (2001). *Silvicultura de plantaciones forestales en Colombia. Universidad Del Tolima Facultad De Ingeniería Forestal*. Ibagué, Tolima: Universidad del Tolima, Facultad de Ingeniería Forestal.
- Weaver, P. L. (2000). *Tectona grandis* L.f. Teak. In J. Francis & C. Lowe (Eds.), *General*

*technical report IITF-15 : Bioecología de arboles nativos y exóticos de Puerto Rico y las Indias Occidentales* (pp. 524–540). Río Piedras, Puerto Rico: Department of Agriculture, Forest Service, International Institute of Tropical Forestry.

Zobel, B., & Talbert, J. (1988). *Técnicas de mejoramiento genético de árboles forestales*. (Sistemas Editoriales Técnicos S.A de C.V., M. Guzman, G. Barbosa, & T. Eguiluz, Eds.) (esp. Ed.). Mexico D.F.: Editorial Limusa, Noriega Editores.

 Universidad del Tolima	<b>PROCEDIMIENTO DE FORMACIÓN DE USUARIOS</b>  <b>AUTORIZACIÓN DE PUBLICACIÓN EN EL REPOSITORIO INSTITUCIONAL</b>	Página 1 de 3
		Código: GB-P04-F03
		Versión: 03
		Fecha Aprobación: 15 de Febrero de 2017

Los suscritos:

<u>Luis Felipe Llanos Mayor</u>	con C.C N°	<u>1.010.207.658</u>
_____	con C.C N°	_____
_____	con C.C N°	_____
_____	con C.C N°	_____
_____	con C.C N°	_____

Manifiesto (an) la voluntad de:

Autorizar

☒

No Autorizar

☐

Motivo: \_\_\_\_\_

La consulta en físico y la virtualización de mi OBRA, con el fin de incluirlo en el repositorio institucional de la Universidad del Tolima. Esta autorización se hace sin ánimo de lucro, con fines académicos y no implica una cesión de derechos patrimoniales de autor.


Manifestamos que se trata de una OBRA original y como de la autoría de LA OBRA y en relación a la misma, declara que la UNIVERSIDAD DEL TOLIMA, se encuentra, en todo caso, libre de todo tipo de responsabilidad, sea civil, administrativa o penal (incluido el reclamo por plagio).

Por su parte la UNIVERSIDAD DEL TOLIMA se compromete a imponer las medidas necesarias que garanticen la conservación y custodia de la obra tanto en espacios físico como virtual, ajustándose para dicho fin a las normas fijadas en el Reglamento de Propiedad Intelectual de la Universidad, en la Ley 23 de 1982 y demás normas concordantes.

La publicación de:

Trabajo de grado	<input checked="" type="checkbox"/>	Artículo	<input type="checkbox"/>	Proyecto de Investigación	<input type="checkbox"/>
Libro	<input type="checkbox"/>	Parte de libro	<input type="checkbox"/>	Documento de conferencia	<input type="checkbox"/>
Patente	<input type="checkbox"/>	Informe técnico	<input type="checkbox"/>		
Otro: (fotografía, mapa, radiografía, película, video, entre otros)					<input type="checkbox"/>

Producto de la actividad académica/científica/cultural en la Universidad del Tolima, para que con fines académicos e investigativos, muestre al mundo la producción intelectual de la Universidad del

 Universidad del Tolima	<b>PROCEDIMIENTO DE FORMACIÓN DE USUARIOS</b>  <b>AUTORIZACIÓN DE PUBLICACIÓN EN EL REPOSITORIO INSTITUCIONAL</b>	Página 2 de 3
		Código: GB-P04-F03
		Versión: 03
		Fecha Aprobación: 15 de Febrero de 2017

Tolima. Con todo, en mi condición de autor me reservo los derechos morales de la obra antes citada con arreglo al artículo 30 de la Ley 23 de 1982. En concordancia suscribo este documento en el momento mismo que hago entrega del trabajo final a la Biblioteca Rafael Parga Cortes de la Universidad del Tolima.

De conformidad con lo establecido en la Ley 23 de 1982 en los artículos 30 “...*Derechos Morales. El autor tendrá sobre su obra un derecho perpetuo, inalienable e irrenunciable*” y 37 “...*Es lícita la reproducción por cualquier medio, de una obra literaria o científica, ordenada u obtenida por el interesado en un solo ejemplar para su uso privado y sin fines de lucro*”. El artículo 11 de la Decisión Andina 351 de 1993, “*los derechos morales sobre el trabajo son propiedad de los autores*” y en su artículo 61 de la Constitución Política de Colombia.

- Identificación del documento:

Título completo: Selección de Progenies Superiores de *Tectona grandis* L. f. en el Norte del Tolima

- Trabajo de grado presentado para optar al título de:

Ingeniero Forestal

- Proyecto de Investigación correspondiente al Programa (No diligenciar si es opción de grado “Trabajo de Grado”):

---

- Informe Técnico correspondiente al Programa (No diligenciar si es opción de grado “Trabajo de Grado”):

---

- Artículo publicado en revista:

---


- Capítulo publicado en libro:

---

- Conferencia a la que se presentó:


---

Quienes a continuación autentican con su firma la autorización para la digitalización e inclusión en el repositorio digital de la Universidad del Tolima, el:

 Universidad del Tolima	<b>PROCEDIMIENTO DE FORMACIÓN DE USUARIOS</b>  <b>AUTORIZACIÓN DE PUBLICACIÓN EN EL REPOSITORIO INSTITUCIONAL</b>	Página 3 de 3
		Código: GB-P04-F03
		Versión: 03
		Fecha Aprobación: 15 de Febrero de 2017

Día: 7 Mes: Diciembre Año: 2017

Autores: \_\_\_\_\_ Firma \_\_\_\_\_

Nombre:	<u>Luis Felipe Llanos Mayor</u>		C.C.	<u>1.010.207.658</u>
Nombre:	_____	_____	C.C.	_____
Nombre:	_____	_____	C.C.	_____
Nombre:	_____	_____	C.C.	_____

El autor y/o autores certifican que conocen las derivadas jurídicas que se generan en aplicación de los principios del derecho de autor.